

Determinación de linajes de *Pteronotus parnellii* (Chiroptera: Mormoopidae) en el continente americano mediante marcadores moleculares

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRA EN BIOLOGÍA

PRESENTA

BIÓL. MAYELA FLORES ROMERO

Director: Dr. Ricardo López Wilchis

MÉXICO, D. F. 2015

El jurado designado por la División de Ciencias Biológicas y de la Salud de la Unidad

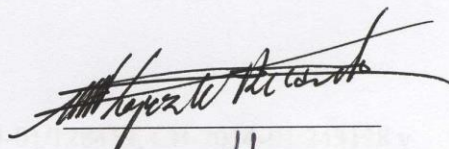
Iztapalapa aprobó la tesis que presentó:

Mayela Flores Romero

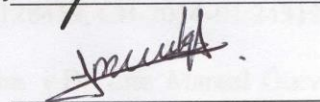
El día 07 de Septiembre de 2015

Comité Tutorial y Jurado

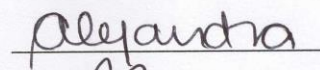
Director: Dr. Ricardo López Wilchis



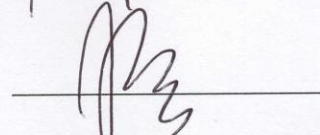
Asesor: Dr. Luis Manuel Guevara Chumacero (Secretario)



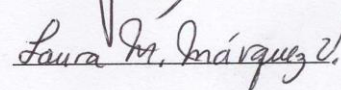
Asesora: Dra. Alejandra Serrato Díaz (Vocal)



Sinodal: Dra. Jhoana Díaz Larrea (Presidenta)



Sinodal: M. en C. Laura M. Márquez Valdelamar (Vocal)





La Maestría en Biología de la Universidad Autónoma Metropolitana pertenece al Padrón del Programa Nacional de Posgrados de Calidad del CONACyT

El presente trabajo se realizó gracias a la beca otorgada por el CONACyT durante el periodo 2013-2015

Y a los proyectos financiados por el CONACyT: CB-2009-01/128459, CB-2014-01/243138 y UAM-PTC-449-PROMEPE a cargo del Dr. Ricardo López Wilchis y Dr. Luis Manuel Guevara Chumacero

La presente investigación se realizó en:

El Laboratorio de Biología de Mamíferos

Departamento de Biología

Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa

Responsable: Dr. Ricardo López Wilchis

El Laboratorio Divisional de Biología Molecular

División de Ciencias Biológicas y de la Salud

Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa

Responsable: Dra. Alejandra Serrato Díaz

El laboratorio de Biología Molecular

Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático

Responsable: M en C. Alma Berenice Zuñiga Bustos

*“Las cosas grandes del mundo sólo pueden realizarse
prestando atención a sus comienzos pequeños”*

Lao Tsé.

Agradecimientos

Al Dr. Ricardo López Wilchis, por permitirme entrar al maravilloso mundo de los murciélagos, por la confianza y por todo el apoyo que siempre me dio, por compartir conmigo sus valiosos conocimientos y experiencias de vida, pero sobre todo por ser una guía en mi camino.

Al Dr. Luis Manuel Guevara Chumacero, porque desde el primer día en que lo conocí, me brindó su apoyo incondicional, su amistad y sus conocimientos. Porque en los momentos más difíciles, siempre estuvo ahí, para respaldarme y darme confianza ante la adversidad. Por su perdurable amabilidad, positividad, dinamismo y disponibilidad.

A la Dra. Alejandra Serrato Díaz, por llevarme hacia el camino de los murciélagos y por creer en mí. Por todo el apoyo dado durante los últimos años y por compartir conmigo sus valiosos conocimientos; pero sobre todo por su amistad. Gracias Ale, sin ti no estaría en este lugar.

A la Dra. Jhoana Díaz Larrea, por su apoyo incondicional y por mostrarme que el trabajo duro siempre rinde buenos frutos. Por su paciencia y por ayudarme a crecer académicamente. Gracias por la confianza y por brindarme su amistad. Agradezco infinitamente por su valiosa participación en este proyecto, sin usted, no lo habría logrado.

A la M en C. Laura Margarita Márquez Valdelamar, por sus valiosas observaciones a la presente tesis, por su apoyo, disponibilidad y perdurable amabilidad.

A Miguel Angel Castillo Minjarez (Mi corazón) por su paciencia, su amor y el apoyo incondicional que siempre me dio. Por impulsarme a luchar día con día, por ayudarme a crecer en todos los aspectos de mi vida y por hacer de mi un mejor ser humano. Gracias por las palabras de aliento y por recorrer este difícil camino a mi lado.

A mis padres y hermanas, porque aunque estuvimos lejos en los últimos años, siempre sentí su amor muy cerca de mí. Por estar siempre al tanto de los acontecimientos de mi vida y por estar conmigo en los éxitos, pero también en los fracasos. Gracias por ser parte de mí.

A la M. en C. Alma Berenice Zuñiga Bustos, por el apoyo incondicional que siempre me dio. Por la confianza y por ayudarme a crecer profesionalmente. Por esas charlas inesperadas que ayudaban a mantenerme en pie. Bere, gracias por tu amistad.

A las Dras. Martha Graciela Rocha Munive, Beatriz Rendón Aguilar y Amelia Cornejo Romero, por su valiosa amistad y por situarme en el camino correcto, gracias a ustedes he llegado hasta aquí.

A mis compañeros del laboratorio de Biología de mamíferos y del laboratorio Divisional de Biología Molecular; gracias por todo el apoyo, por sus consejos, críticas y comentarios que me ayudaron a crecer tanto académica como profesionalmente. Gracias por su dedicación y por todo el esfuerzo realizado durante las colectas de campo; pero sobre todo, por compartir conmigo sus valiosos conocimientos y sus experiencias académicas. Fer, Daf, Aline, Kin, Domingo, Elo, Memo... gracias por su valiosa ayuda.

Al Dr. Javier Juste Ballesta de la Estación Biológica de Doñana, España y al Dr. Leandro O. Salles del Museo Nacional de la Universidad Federal de Rio de Janeiro, Brasil por las muestras biológicas otorgadas para la realización de este estudio.

Al coordinador de la maestría en Biología Dr. Miguel Ángel Armella Villalpando y demás miembros de la comisión académica, por la confianza y por todo el apoyo recibido durante el desarrollo de mi proyecto de investigación. Agradezco infinitamente por permitirme vivir esta maravillosa experiencia.

Índice

Resumen.....	11
1. Introducción.....	12
2. Antecedentes	13
2.1. Familia Mormoopidae: origen y diversificación	13
2.2. Especie de estudio: <i>Pteronotus parnellii</i>	14
3. Justificación	20
4. Pregunta de investigación	20
5. Hipótesis	20
6. Objetivos	21
6.1. General	21
6.2. Particulares	21
7. Material y métodos.....	22
7.1. Muestreo.....	22
7.2. Extracción de ADN, PCR y Secuenciación.....	25
7.3. Análisis de las secuencias nucleotídicas	28
7.4. Construcción de redes haplotípicas	29
7.5. Selección de los modelos evolutivos.....	29
7.6. Análisis filogenéticos.....	29
7.7. Análisis de distancia y estructura genética.....	31
8. Resultados	32
8.1. Gen COI	32
8.1.1. ADN y amplicones	32
8.1.2. Secuencias nucleotídicas y haplotipos	32
8.1.3. Reconstrucciones filogenéticas	34
8.1.4. Distancia y estructuración genética.....	36
8.2. Gen DBY.....	38
8.2.1. ADN y amplicones	38
8.2.2. Secuencias nucleotídicas y haplotipos	38
8.2.3. Reconstrucciones filogenéticas	39
8.2.4. Distancia y estructuración genética.....	41

8.3.	Datos concatenados	43
8.3.1.	Reconstrucciones filogenéticas	43
9.	Discusión	44
9.1.	Relaciones filogenéticas con base en el gen COI.....	44
9.2.	Relaciones filogenéticas con base en el gen DBY	47
10.	Conclusiones	47
11.	Perspectivas	49
12.	Referencias	50
13.	Anexos	55
1.	Accesos GenBank	55
2.	Protocolo de extracción de sal común.....	67
3.	Protocolo de purificación con Sephadex	68
4.	Sitios variables en los haplotipos de los genes COI y DBY	69
5.	Haplotipos obtenidos con los genes COI y DBY	81
6.	Distribución geográfica de los haplotipos obtenidos con el gen COI	83
7.	Distribución geográfica de los haplotipos obtenidos con el gen DBY.....	86

Resumen

Pteronotus parnellii es un murciélago neotropical con amplia distribución desde Sonora y Tamaulipas México, hasta Brasil y las Antillas Mayores. Actualmente se reconoce la presencia de linajes intraespecíficos y un alto nivel de variación genética entre ellos. El objetivo de este estudio fue determinar los linajes de *P. parnellii* en el continente americano. Se procesaron muestras de diversas localidades de México, Panamá y Brasil. Se secuenciaron aproximadamente 700 pb del gen mitocondrial COI y 500 pb del intrón 7 del gen nuclear DBY. Secuencias adicionales de especímenes originarios de Centroamérica, Sudamérica y Jamaica fueron obtenidas del GenBank. Se realizaron análisis filogenéticos, de estructura y distancia genética. Los resultados del gen COI muestran cinco linajes de *P. parnellii* en el continente americano: 1) Planicie costera del Pacífico mexicano, 2) Golfo de México/Yucatán/Centroamérica; 3) Venezuela/Guyana; 4) Brasil/Guyana/Surinam, 5) Guyana/Surinam; y uno más perteneciente a la región de las Antillas Mayores: 6) Jamaica. La formación de los linajes de México podría estar asociada con los eventos más recientes de la orogénesis del Eje Neovolcánico Transversal y con las oscilaciones climáticas del Pleistoceno ocurridas en la región de la Depresión del Balsas. La diferenciación genética de los linajes distribuidos en Sudamérica podría estar influenciada por la complejidad ambiental y topográfica del escudo Guianes. La baja resolución del gen DBY no permitió detectar patrones de estructuración genética, lo cual, podría deberse a una tasa mutacional mucho menor a la encontrada para el gen COI. Tampoco permitió detectar patrones de movimientos masculinos que pudieran tener un papel relevante en la diferenciación genética.

1. Introducción

Mormoopidae, es una pequeña familia de murciélagos neotropicales ampliamente distribuidos desde el sur de Texas en Estados Unidos hasta el sur de Brasil, las Antillas mayores y algunas islas de las Antillas menores. La mayoría de ellos viven en diversos tipos de hábitats, desde bosques tropicales lluviosos, hasta matorrales áridos y semiáridos, pero son más abundantes en donde predominan las cuevas cálido-húmedas (Smith, 1972).

La familia está conformada por dos géneros, tres subgéneros y ocho especies existentes (Smith, 1972). El género *Mormoops* incluye a dos especies: *M. blainvillii* y *M. megalophylla*. El género *Pteronotus* está dividido en tres subgéneros: *Phyllodia*, únicamente incluye a *Pteronotus parnellii*; *Chilonycteris*, a *Pteronotus macleayii*, *P. fuliginosus* y *P. personatus*; y *Pteronotus*, que incluye a *P. davyi* y *P. suapurensis*.

En particular, las especies del género *Pteronotus* constituyen a uno de los grupos más interesantes de la familia Mormoopidae debido a la alta variabilidad geográfica (Smith, 1972) y genética (Lewis-Oritt *et al.* 2001; Van Den Bussche *et al.* 2002) que presentan a lo largo de su área de distribución.

Pteronotus parnellii (Gray, 1843) considerado como la especie ancestral del género (Smith, 1972; Lewis-Oritt, *et al.* 2001; Van Den Bussche y Weyandt, 2003), ha sido sujeto a una amplia controversia taxonómica debido a que en diversos estudios se han documentado diferencias morfológicas (Smith, 1972) y genéticas (Clare *et al.* 2011; Clare *et al.* 2013; De Thoisy *et al.* 2014) entre individuos.

Smith (1972), con base en caracteres morfológicos determinó la presencia de ocho subespecies de *P. parnellii* a lo largo de su área de distribución geográfica. También, estudios filogenéticos

más recientes basados en marcadores moleculares (Clare *et al.* 2011; Clare *et al.* 2013; De Thoisy *et al.* 2014) han revelado la presencia de linajes intraespecíficos en Centro y Sudamérica, y una alta variabilidad genética entre ellos. Por lo cual, *P. parnellii* es considerada como un complejo de especies crípticas no descritas (Van Den Bussche *et al.* 2002; Clare *et al.* 2013).

Por ello, en el presente estudio se evaluó la variación de secuencias de ADN mitocondrial y nuclear para inferir las relaciones filogenéticas intraespecíficas y lograr determinar la presencia de linajes de *P. parnellii*, así como los niveles de variación genética entre ellos. Particularmente en México, región geográfica donde se tienen los mayores registros de la presencia de *P. parnellii* y en donde aún no se precisa la existencia de linajes intraespecíficos.

2. Antecedentes

2.1. Familia Mormoopidae: origen y diversificación

La hipótesis más antigua que explica el posible origen y diversificación de la familia Mormoopidae en relación a su área de distribución, es la propuesta por Smith (1972). Con base en el análisis de caracteres morfológicos, sugiere que los mormoopidos se dispersaron desde el sur de América central o desde el noroeste de Sudamérica hacia México y América central, llegando hasta el Caribe a través de eventos de dispersión.

En contraste, Czaplewski y Morgan (2003) basados en el registro fósil, proponen que los mormoopidos expandieron su área de distribución hacia las Antillas mayores, alcanzando Sudamérica solo después de la formación del Istmo de Panamá durante el Plioceno hace aproximadamente 3.6 mda. Por lo tanto, el centro de origen de la familia Mormoopidae no

podría incluir el noroeste de Sudamérica y sí podría incluir a las Antillas mayores, por lo que las divergencias entre los linajes antillanos y continentales serán mayores que las existentes entre los centroamericanos y sudamericanos.

Dávalos (2006) con base en datos morfológicos y moleculares, sugiere que el ancestro común más reciente de los mormoopidos pudo estar ampliamente distribuido desde el sureste de México hasta el norte de Sudamérica y el este de las Antillas Mayores. Por lo cual, es muy probable que los mormoopidos pudieran haber llegado a Sudamérica después de su diversificación en México, Centroamérica y/o las Antillas Mayores.

2.2. Especie de estudio: *Pteronotus parnellii*

Smith (1972) realiza el primer estudio sobre las relaciones filogenéticas de la familia Mormoopidae. Con base en caracteres morfológicos divide al género *Pteronotus* en los tres subgéneros reconocidos actualmente (*Phyllodia*, *Chilonycteris* y *Pteronotus*) y determina la existencia de ocho subespecies de *P. parnellii*: *P. p. fuscus*, *P. p. gonavensis*, *P. p. mesoamericanus*, *P. p. mexicanus*, *P. p. parnellii*, *P. p. portoricensis*, *P. p. pusillus*, y *P. p. rubiginosus*, distribuidas desde Sonora y Tamaulipas México, a través de las costas del Golfo y del Pacífico, hasta Centro y Sudamérica y las islas de las Antillas mayores (Figura 1). Posteriormente Linares y Ojasti (1974) con su estudio en las cuevas de la Península de Paraguaná Venezuela, suman a *P. p. paraguanensis* al arreglo taxonómico de subespecies de *P. parnellii*, el cual, permaneció intacto hasta el año 2001.

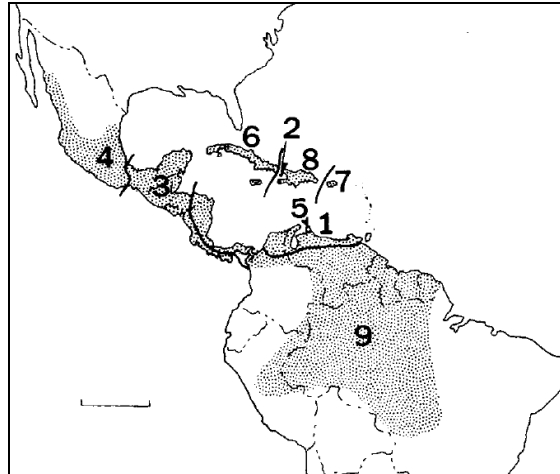


Figura 1. Distribución de las nueve subespecies de *Pteronotus parnellii* con base en Smith (1972) y Linares y Ojasti (1974). 1 *P. p. fuscus*; 2 *P. p. gonavensis*; 3 *P. p. mesoamericanus*; 4 *P. p. mexicanus*; 5 *P. p. paraguanensis*; 6 *P. p. parnellii*; 7 *P. p. portoricensis*; 8 *P. p. pusillus* y 9 *P. p. rubiginosus*. Tomado de Herd (1983).

Lewis-Oritt *et al.* (2001) evaluaron las relaciones filogenéticas intragénicas e intraespecíficas de la familia Mormoopidae con base en secuencias de ADN del gen mitocondrial Citocromo b (Cyt b) y del gen nuclear de activación de recombinación 2 (RAG-2). Con sus resultados soportan la hipótesis de Smith (1972) para *P. parnellii* como el miembro basal del género. Igualmente, revelan que *P. parnellii* es la especie más divergente dentro de *Pteronotus*, y demuestran que los individuos de *P. parnellii* originarios de Jamaica, son genéticamente distintos (distancia genética > 10%) de los que se distribuyen en Guyana, Surinam, México y Honduras.

Van Den Bussche *et al.* (2002) utilizaron secuencias de ADN mitocondrial (12S rRNA, tRNA, 16S rRNA) y datos morfológicos para analizar las relaciones filogenéticas de la familia Mormoopidae. Los resultados de los análisis moleculares obtenidos para *P. parnellii*,

indicaron niveles considerables de variación genética intraespecífica (1.57 a 3.99 %), con lo cual sugirieron que los estudios futuros con una muestra geográfica amplia podrían ayudar a explicar si esta variación se debe al aumento de la tasa mutacional genética, o si esta especie representa a un complejo de especies crípticas.

Dávalos (2006) con base en secuencias de ADN mitocondrial (genes 12s, tRNA, 16s y Cyt *b*) y nuclear (RAG-2) evaluó la delimitación de las especies de la familia Mormoopidae y las relaciones filogenéticas entre los taxa existentes. Con los resultados obtenidos para *P. parnellii* demostró que existe alta divergencia genética entre los linajes antillanos (Jamaica, Puerto Rico, La Hispaniola) y continentales (Surinam, Guyana Francesa, México, Honduras y Guyana). Por lo cual, la autora sugirió que se nombrara a los linajes insulares como *P. parnellii parnellii*, *P. parnellii pusillus* y *P. parnellii portoricensis*; y a los linajes continentales desde México hasta Guyana como *P. parnellii mexicanus*, *P. parnellii mesoamericanus* y *P. parnellii rubiginosus*. Además sugirió que el origen de *P. parnellii* pudo ubicarse en las islas del Caribe o en el continente recolonizando más de una vez.

Clare *et al.* (2011) estimaron la diversidad de murciélagos neotropicales utilizando secuencias de ADN del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa I (COI). Los resultados demostraron que existe diversidad genética intraespecífica y la presencia de linajes en varias especies de murciélagos neotropicales. En particular para *P. parnellii*, identificaron a cuatro linajes: uno en Centroamérica, y los otros tres en zonas potenciales de simpatría en Guyana.

Clare *et al.* (2013) analizaron la variación morfológica y acústica, y la divergencia genética de secuencias del gen mitocondrial COI, del intrón 7 del gen nuclear Dead Box RNA Helicasa Y (DBY) y del gen nuclear RAG-2 para demostrar que *P. parnellii* es actualmente un complejo

de especies crípticas. Con sus resultados determinaron la presencia de cuatro grupos diferentes de *P. parnellii* (Figura 2): el grupo 1 se restringe a Centroamérica e incluye a individuos de Panamá hasta el Sureste de México. Sin embargo, es importante señalar que para México, solo se incluyó una muestra de la región de Campeche. El grupo 2 incluye a individuos de las tierras altas del escudo Guianes (uno de los cratones de Sudamérica) y Venezuela. Los grupos 3 y 4 ocupan distribuciones simpátricas en las tierras bajas del escudo Guianes y Surinam. Con estos resultados y con base en estimaciones de tiempos de divergencia (estimaciones de tasa fija del 2% y 5% para COI, y 0.194% para RAG-2) proponen un origen sudamericano para *P. parnellii*, tal y como lo indica la filogenia obtenida. Sugirieron además que esta especie divergió en varios linajes a partir de un ancestro común hace 2.6 a 6.1 mda durante la formación del Istmo de Panamá, y radiaron hacia Centroamérica durante el gran intercambio americano. Sin embargo, mencionan que esta hipótesis debe tomarse como preliminar y que se requiere de un mayor muestreo para determinar la ruta exacta de invasión.

Por otra parte, el levantamiento de la cordillera oriental (ubicada al noreste de Colombia) pudo haber aislado a las poblaciones de Centroamérica, dando lugar al grupo 1 en alopatría. Los grupos 2, 3 y 4 al habitar dentro de la región del escudo Guianes, no se pueden correlacionar con ningún evento geológico que explique su divergencia. Sin embargo, los individuos del grupo 2 podrían asociarse con las elevaciones de las tierras altas de Guyana.

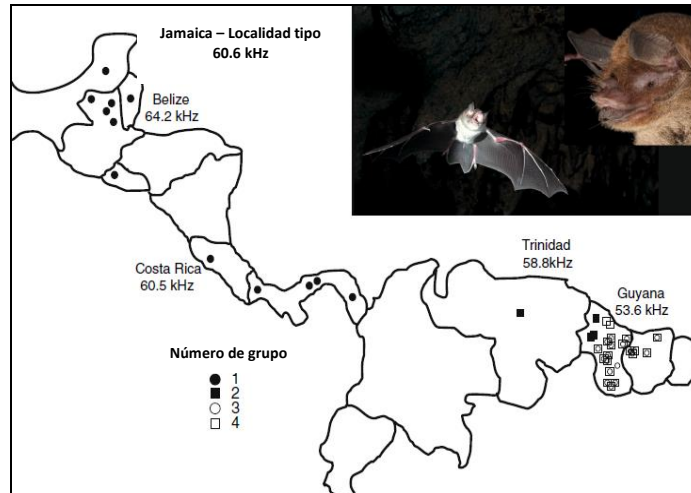


Figura 2. Distribución de los cuatro grupos de *Pteronotus parnellii* de acuerdo con Clare *et al.* (2013).

Posteriormente, con base en secuencias de ADN mitocondrial (COI y Cyt b) y datos de bioacústica, De Thoisy *et al.* (2014) confirmaron la existencia de los grupos propuestos por Clare *et al.* (2013) para *P. parnellii*, y proponen a dos nuevos grupos fónicos (Phonic type 59 kHz y Phonic type 53 kHz) bien diferenciados que ocurren en simpatria en las regiones de la Guyana Francesa y la Amapa brasileira, y que corresponden con los grupos 3 y 4 descritos por Clare *et al.* (2013). Sugirieron además que la simpatria de estos grupos fónicos podría tener importantes implicaciones para su conservación, ya que hasta el momento, no se conocen con exactitud su distribución, sus necesidades ecológicas y su abundancia.

Por otra parte, la filogenia obtenida con las secuencias de COI mostró a *P. parnellii* de Jamaica como el linaje ancestral, y la filogenia de Cyt b reveló que *P. parnellii* de Jamaica es una especie hermana de otras especies insulares tales como *P. pusillus* (de La Hispaniola) y *P. portoricensis* (de Puerto Rico) y que este linaje Antillano es una forma distinta de las continentales, por lo que se requiere de información molecular adicional para probar si los

cuatro linajes continentales de *P. parnellii* son monofiléticos y si los grupos 1 y 2 están estrechamente relacionados con especies Antillanas.

De los estudios anteriores se deduce la existencia de varios linajes intraespecíficos a lo largo del área de distribución de este taxón. Por lo cual, se requiere de un muestreo más amplio que incluya a los extremos norte, centro y sur de la distribución geográfica de *P. parnellii*, como México, la parte insular de Panamá y el sureste de Brasil, ya que en los estudios anteriores es notoria la falta de muestras que cubran estas regiones.

3. Justificación

Desde el trabajo realizado por Smith (1972), diversos han sido los esfuerzos para lograr elucidar la historia evolutiva de la familia Mormoopidae, y particularmente de *P. parnellii*. Estos esfuerzos han aportado información de gran relevancia ecológica, evolutiva y de conservación para la especie. Sin embargo, hasta el momento no se tienen datos claros sobre el posible origen y diversificación de *P. parnellii*. Más aún, se desconoce la existencia de linajes de *P. parnellii* en México a pesar de que es la región en donde se tienen los mayores registros de su presencia. Además, *P. parnellii* es considerada como un complejo de especies no descritas con amplia variabilidad geográfica y genética. Por ello, es imprescindible el descubrimiento de linajes intraespecíficos en áreas aún no exploradas, como es el caso de México, ya que el conocimiento preciso de esta variación a lo largo de su área de distribución, contribuirá en el conocimiento de su historia evolutiva, y con ello proponer un posible escenario biogeográfico sobre su origen y diversificación.

4. Pregunta de investigación

¿Cuáles son los linajes de *Pteronotus parnellii* y de qué manera están distribuidos en el continente americano?

5. Hipótesis

Si las barreras orográficas y las diferentes condiciones ecológicas que se presentan a lo largo del área de distribución de *Pteronotus parnellii* actúan como barreras al intercambio genético, entonces se espera que existan diferentes linajes intraespecíficos derivados del aislamiento ecológico, geográfico y genético.

6. Objetivos

6.1. General

Determinar los linajes de *Pteronotus parnellii* y su distribución geográfica en el continente americano.

6.2. Particulares

6.2.1. Estimar el grado de estructuración genética entre linajes de *P. parnellii* e inferir las relaciones filogenéticas intraespecíficas.

6.2.2. Determinar la variación entre secuencias y las relaciones entre los haplogrupos obtenidos para *P. parnellii*.

6.2.3. Validar las propuestas taxonómicas de Smith (1972) y Clare *et al.* (2013) para *P. parnellii*.

7. Material y métodos

7.1. Muestreo

Se seleccionaron muestras de individuos de *P. parnellii* de la colección de mormoopidos del laboratorio de Biología de mamíferos de la Universidad Autónoma Metropolitana Iztapalapa, procedentes de 12 localidades consideradas como representativas del área de distribución de *P. parnellii* en México. Cada muestra consistió en biopsias de membrana alar de 3 mm de diámetro preservadas en alcohol al 70%. También se obtuvieron muestras procedentes del sureste de Brasil, del Museo Nacional de la Universidad Federal de Rio de Janeiro, Brasil y de la Isla de Coiba, Panamá de la Estación Biológica de Doñana, España. Adicionalmente se obtuvieron secuencias del GenBank de los genes COI y DBY de especímenes originarios de Belice, México, Guatemala, El Salvador, Panamá, Jamaica, Guyana, Surinam y Venezuela (Tabla 1; Figura 3). Las secuencias obtenidas en este estudio fueron depositadas en el GenBank y los números de acceso de las secuencias se encuentran en el Anexo 1.

Tabla 1. Procedencia de las muestras y secuencias utilizadas en este estudio. Se indica la localidad, coordenadas geográficas (Lat= latitud, Long= longitud), tamaño de muestra (n) y su procedencia (CMBM= colección de mormoopidos del laboratorio de Biología de mamíferos, EBD= Estación Biológica de Doñana España, UFRJ= Museo Nacional de la Universidad Federal de Rio de Janeiro, Brasil y GB= GenBank).

	Localidad	Lat	Long	n	Procedencia
1	Carbó, Sonora, México	29.34	-110.49	5	CMBM
2	Cd. Victoria, Tamaulipas, México	23.46	-99.12	5	CMBM
3	Pánuco, Sinaloa, México	23.25	-105.54	5	CMBM
4	Cd. Valles, S. L. Potosí, México	21.51	-98.56	5	CMBM
5	Pachuquilla, Veracruz, México	19.13	-96.38	5	CMBM
6	Los Ortices, Colima, México	19.04	-103.43	5	CMBM
7	Pedro A Santos, Q. Roo, México	18.57	-88.12	5	CMBM
8	Escárcega, Campeche, México	18.25	-90.07	1	GB

9	Piactla, Puebla, México	18.11	-98.16	4	CMBM
10	Saint Andrew, Jamaica	18.08	-76.71	1	GB
11	El Naranjo, Petén, Guatemala	17.60	-90.82	5	GB
12	Lamanai, Orange Walk, Belice	17.45	-88.39	2	GB
13	Macuspana, Tabasco, México	17.37	-92.28	5	CMBM
14	Tikal, Peten, Guatemala	17.30	-89.62	1	GB
15	Colotlipa, Guerrero, México	17.22	-99.03	5	CMBM
16	El Remate, Peten, Guatemala	17.00	-89.72	1	GB
17	Ayaquezco, Oaxaca, México	16.37	-96.58	5	CMBM
18	Poptún, Peten, Guatemala	16.30	-89.33	2	GB
19	La Trinitaria, Chiapas, México	16.05	-92.02	5	CMBM
20	El Progreso, Guatemala	14.95	-89.83	1	GB
21	Parque Nacional Montecristo, El Salvador	14.42	-89.37	11	GB
22	Parque Nacional Soberanía, Panamá	9.15	-79.75	1	GB
23	Gamboa, Panamá	9.10	-79.70	1	GB
24	Ojo de Agua, Chiriquí, Panamá	8.87	-82.75	2	GB
25	Santa Clara, Chiriquí, Panamá	8.83	-82.75	1	GB
26	Parque Nacional Altos de Campana, Panamá	8.68	-79.93	3	GB
27	Parque Nacional Darién, Panamá	8.00	-77.72	2	GB
28	Caicara, Bolívar, Venezuela	7.57	-65.87	1	GB
29	Isla Coiba, Veraguas, Panamá	7.51	-81.85	5	EBD
30	Barima-Waini, Guyana	7.37	-60.48	4	GB
31	Puerto Cabello, Bolívar, Venezuela	7.17	-64.98	2	GB
32	Demerara-Mahaica, Guyana	6.50	-58.22	11	GB
33	Islas del Essequibo-Demerara, Guyana	6.48	-58.58	20	GB
34	Pozon, Venezuela	6.05	-67.42	10	GB
35	Mazaruni River, Cuyuni-Mazaruni, Guyana	6.05	-60.65	1	GB
36	Namai Creek, Cuyuni-Mazaruni, Guyana	5.80	-61.10	5	GB
37	Mapenna river, East Berbice-Corentyne, Guyana	5.38	-57.37	9	GB
38	Mount Ayaganna, Potaro-Siparuni-Guyana	5.33	-59.92	1	GB
39	Potaro River, Potaro-Siparuni, Guyana	5.27	-59.82	1	GB
40	Corentyne river, East Berbice-Corentyne, Guyana	5.17	-57.30	27	GB
41	Kaieteur National Park, Potaro-Suparuni, Guyana	5.17	-59.49	20	GB
42	Upper Demerara-Berbice, Guyana	5.15	-58.70	10	GB
43	Mount Wokomung, Potaro-Siparuni, Guyana	5.13	-59.82	1	GB
44	West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana	5.03	-58.63	11	GB
45	Brokopondo, Surinam	4.95	-55.18	2	GB
46	Brokopondo, Surinam	4.93	-55.20	2	GB

47	Sipaliwini, Surinam	4.85	-56.78	1	GB
48	Sipaliwini, Surinam	4.81	-56.99	5	GB
49	Siparuni River, Potaro-Siparuni, Guyana	4.75	-59.02	11	GB
50	Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana	4.73	-58.85	15	GB
51	Sipaliwini, Surinam	4.71	-57.17	1	GB
52	Iwokrama field Station, Potaro-Siparuni, Guyana	4.68	-58.68	20	GB
53	Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana	4.67	-58.68	11	GB
54	Sipaliwini, Surinam	4.66	-57.18	12	GB
55	Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana	4.63	-58.72	20	GB
56	Sipaliwini, Surinam	4.61	-57.16	1	GB
57	Sipaliwini, Surinam	4.54	-56.93	2	GB
58	Sipaliwini, Surinam	4.49	-56.87	1	GB
59	Iwokrama Reserve , Potaro-Siparuni, Guyana	4.47	-58.78	5	GB
60	Iwokrama Forest, Potaro-Siparuni, Guyana	4.45	-58.77	6	GB
61	Iwokrama Forest, Potaro-Siparuni, Guyana	4.38	-58.92	2	GB
62	Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana	4.33	-58.82	1	GB
63	Kabuballi Landing, Potaro-Siparuni, Guyana	4.28	-58.52	6	GB
64	Iwokrama forest, Potaro-Siparuni, Guyana	4.25	-58.90	9	GB
65	Upper Takutu-Upper Esequibo, Surama, Guyana	4.10	-59.05	14	GB
66	Annahi, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	3.95	-59.13	5	GB
67	Rupununi River, Upper Esequibo, Guyana	3.92	-59.10	2	GB
68	Tafelberg, Caiman Creek Camp, Surinam	3.89	-56.18	7	GB
69	Tafelberg, Base Camp, Surinam	3.84	-56.19	9	GB
70	Upper Esequibo, Karanambo, Guyana	3.75	-59.30	1	GB
71	Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	3.51	-58.23	5	GB
72	Pobawau Creek Mounth, Upper Esequibo, Guyana	3.27	-58.78	1	GB
73	Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	3.18	-58.82	12	GB
74	Rupununi River, Upper Esequibo, Guyana	2.28	-59.44	2	GB
75	Sipaliwini River, Sipaliwini, Surinam	2.28	-56.60	11	GB
76	Kutari River, Surinam	2.17	-56.78	3	GB
77	Sipaliwini Village, Sipaliwini, Surinam	2.02	-56.12	1	GB
78	Sipaliwini River, Sipaliwini, Surinam	1.99	-56.09	4	GB
79	Gunn´s Strip, Upper Esequibo, Guyana	1.65	-58.63	2	GB
80	Esequibo River, Upper Esequibo, Guyana	1.58	-58.63	1	GB
81	Kamoa River, Upper Esequibo, Guyana	1.53	-58.83	2	GB
82	Chodikar River, Upper Esequibo, Guyana	1.37	-58.77	2	GB
83	Caverna do Bigode, Goiás, Brasil	-13.80	-48.51	2	UFRJ

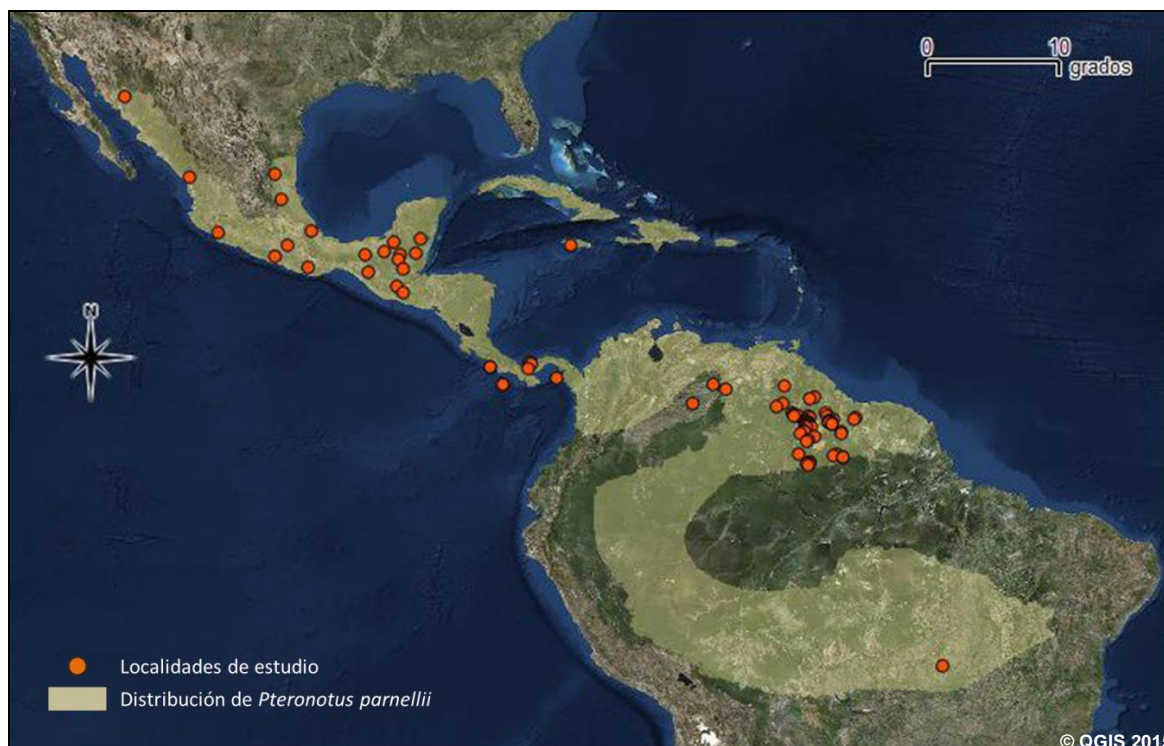


Figura 3. Mapa con la distribución original de *Pteronotus parnellii* sobre la cual se señalan las localidades de estudio. Tomado y modificado de <http://www.gbif.org/species/5218620>.

7.2. Extracción de ADN, PCR y Secuenciación

La extracción de ADN de todas las muestras se realizó siguiendo el protocolo de extracción de sal común (modificado de Lopera-Barrero *et al.* 2008; Anexo 2). La estimación de la concentración y pureza del ADN extraído se realizó en un espectrofotómetro Nanodrop (Thermo Scientific). La integridad del ADN se verificó en un gel de agarosa al 1% teñido con Gel Red Nucleic Acid Gel Stain 1000X (Biotium) y posteriormente observado bajo luz UV en un Fotodocumentador Multi Genius (SYNGENE). Las bandas de ADN obtenidas fueron comparadas con un marcador estándar de alto peso molecular (NIPPON Genetics).

La amplificación de un fragmento del gen mitocondrial Citocromo Oxidasa subunidad I (COI) (Figura 4) se realizó usando los primers y las condiciones estandarizadas por Ivanova *et al.* (2006), y para el intrón 7 del gen nuclear Dead Box RNA Helicasa Y (DBY) (Figura 5) los primers y las condiciones sugeridas por Lim *et al.* (2008) (Tabla 2).

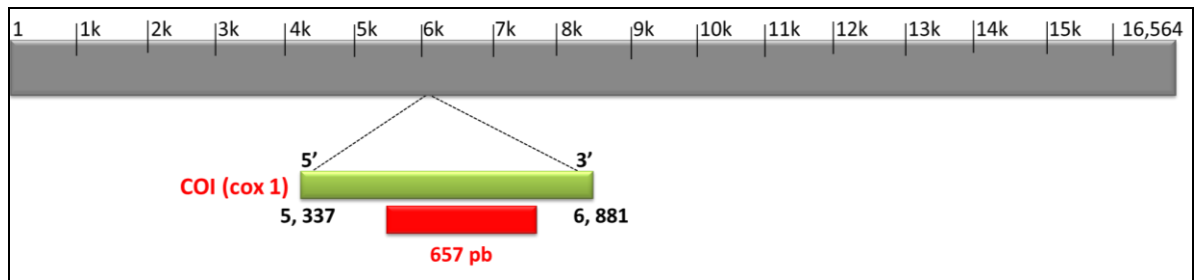


Figura 4. Esquema representativo del genoma mitocondrial de *Pteronotus parnellii*. En color verde se observa el gen Citocromo Oxidasa I y en rojo el fragmento amplificado. Esquema elaborado con base en: Yin y Shi (2014).

Las mezclas de reacción para ambos marcadores se llevaron a un volumen final de 25µl que incluyeron: 12.5 µl de Green master mix 2X (PROMEGA), 0.7 µl del primer F (10 µM), 0.7 µl del primer R (10 µM), 1 µl de MgCl₂ 25 mM (PROMEGA), 8.6 µl de agua ultrapura inyectable (PiSA) y 1.5 µl de ADN (al menos 10 ng/µl). Los amplicones fueron purificados en Centri-Sep Spin Columns (Applied Biosystems) con Sephadex (Anexo 3), verificados en un gel de agarosa al 2% teñido con Gel Red Nucleic Acid Gel Stain 1000X (Biotium) y posteriormente observados bajo luz ultravioleta en un Fotodocumentador Multi Genius (SYNGENE).

Para la obtención de secuencias nucleotídicas se preparó una reacción de secuenciación para cada uno de los primers con un volumen final de 10 μl que incluyó: 2 μl de Buffer BigDye Terminator 5X (Applied Biosystems), 2 μl de BigDye Terminator (Applied Biosystems), 2 μl de agua ultrapura inyectable (PiSA), 1 μl del primer F o R (10 μM) y 3 μl del amplicón purificado. Las condiciones de amplificación fueron seguidas tal y como lo indican las especificaciones del fabricante (Applied Biosystems). Al término de la reacción de secuenciación los amplicones fueron purificados nuevamente en columnas Centri-Sep con Sephadex y fueron secuenciados automáticamente en un equipo ABI PRISM 3130XL (Applied Biosystems Hitachi).

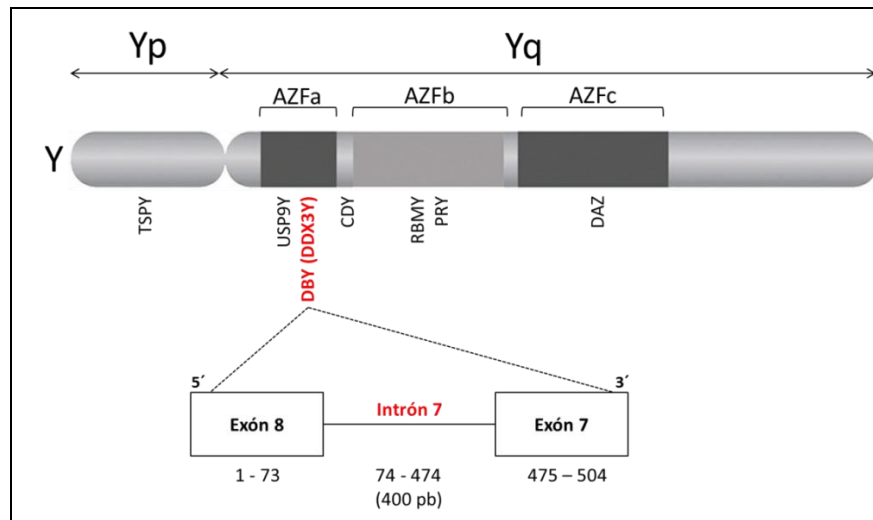


Figura 5. Esquema representativo de los genes que conforman al cromosoma Y de los mamíferos. En color rojo se observa la región amplificada en este estudio. Tomado y modificado de: Hamada *et al.* (2013).

Tabla 2. Primers utilizados para la amplificación de fragmentos de los genes COI y DBY.

Nombre	Secuencia	Referencia
COI VF1d	5'-TTCTCAACCAACCACAA-3'	Ivanova <i>et al.</i> 2006
COI VR1d	5'-TAGACTTCTGGGTGGCC-3'	
HDBY7F	5'-GGTCCAGGAGARGCTTTGAA-3'	Lim <i>et al.</i> 2008
HDBY7R	5'-CAGCCAATTCTCTTGTTGGG-3'	

7.3. Análisis de las secuencias nucleotídicas

Las secuencias de los genes COI y DBY fueron editadas y alineadas usando el programa Geneious® Pro software v.5.6.4 (Biomatters Ltd. Auckland, New Zeland) y el algoritmo Clustal W. La autenticidad de las secuencias fue verificada con un análisis BLAST estándar nucleótido-nucleótido (Zheng Zhang *et al.* 2000) en la base de datos del GenBank.

En el alineamiento del gen COI se obtuvieron secuencias de diferente longitud, por lo que fue necesario editar tres matrices de diferente tamaño: 657 pb, 610 pb y 408 pb, las cuales, fueron evaluadas en todos los análisis filogenéticos. Se elaboró también una matriz con las secuencias de ambos marcadores (COI + DBY) para realizar un análisis concatenado, la cual, fue construida únicamente con secuencias que estaban disponibles para ambos marcadores y procedentes del mismo individuo o espécimen. Esta matriz fue evaluada utilizando la prueba ILD (Incongruence Length Difference) (Farris *et al.* 1994) implementada en PAUP* v.4.0b10 (Swofford, 2002) como la prueba de partición homogénea.

7.4. Construcción de redes haplotípicas

Todas las secuencias fueron analizadas en el programa DnaSP v.5.10 (Librado y Rozas, 2009) para obtener sus correspondientes haplotipos considerando a los gaps como un quinto estado. La construcción de las redes haplotípicas se efectuó usando el algoritmo Median-Joining en Networks v.4.6.1.3 (Bandelt *et al.* 1999).

En el caso de las tres matrices de COI fueron evaluados los siguientes criterios: número de haplotipos, número de haplogrupos formados, relación entre los haplogrupos, distribución de los haplotipos dentro de los haplogrupos y su lógica correspondencia geográfica.

7.5. Selección de los modelos evolutivos

Para seleccionar el modelo evolutivo de sustitución de nucleótidos más adecuado, cada matriz fue sometida al análisis de los 56 modelos alternativos del programa Modeltest v.3.7 (Posada y Crandall, 1998) bajo los criterios de hierarchical Likelihood Ratio Test (hLRT) y Akaike Information Criterion (AIC). Los modelos seleccionados para cada conjunto de datos, así como los parámetros de número de tipos de sustitución (Nst) y tasa evolutiva para sitios variables (Rates) fueron utilizados en los análisis filogenéticos.

Los modelos evolutivos utilizados en los análisis de distancias genéticas fueron seleccionados usando el método estadístico de Máxima Verosimilitud y el filtro de intercambio de ramas *Very Strong* en el programa MEGA v.6.0 (Tamura *et al.* 2013).

7.6. Análisis filogenéticos

Las relaciones filogenéticas entre los haplotipos de los genes COI y DBY fueron evaluadas usando los métodos de Máxima Parsimonia (MP), Neighbor-Joining (NJ), Máxima

Verosimilitud (MV) y Análisis Bayesianos (AB). Se realizó además un análisis particionado combinando los conjuntos de secuencias de las regiones estudiadas.

La estabilidad de los análisis se evaluó considerando los criterios de número de clados formados y las relaciones filogenéticas establecidas entre ellos. También se evaluó la estabilidad de las ramas internas de los cladogramas con un análisis Bootstrap (Felsenstein, 1985) de 1000 repeticiones, probando diferentes combinaciones de grupos externos seleccionados a partir de publicaciones previas (Lim *et al.* 2008, Clare *et al.* 2011; Clare *et al.* 2013), considerando las relaciones filogenéticas con el grupo interno y la disponibilidad de secuencias en la base de datos del GenBank. Para realizar las reconstrucciones filogenéticas del gen COI se utilizaron secuencias de *Artibeus jamaicensis* (Aj) (NC002009), *Pteronotus gymnonotus* (Pg) (EF080590) y *Pteronotus personatus* (Pp) (EF080596) como grupos externos; para el gen DBY se usaron secuencias de *Cyttarops alecto* (Ca) (EF584303), *Platyrrhinus helleri* (Ph) (JF458434) y *Uroderma bilobatum* (Ub) (JF458563), y para el conjunto de datos concatenados de *Platyrrhinus helleri* (ROM 117024), *Trachops cirrhosus* (Tc) (ROM 104082) y *Uroderma bilobatum* (ROM 98872).

Los árboles de MP fueron construidos en los programas Nona 2.0 y Winclada 1.0 (Goloboff, 1999; Nixon, 1999-2002) con las estrategias de búsqueda heurística Tree Bisection Reconnection (TBR+TBR) y Ratchet (Island Hop). Al término de cada análisis se recuperaron los índices de consistencia (IC) e índices de retención (IR) para analizar la cantidad de homoplasia presente en los datos que fueron retenidos en cada árbol. Los análisis NJ y MV fueron realizados en el programa PAUP* v.4.0b10 (Swofford, 2002) con los modelos evolutivos de sustitución de nucleótidos que fueron seleccionados con el Criterio de Información de Akaike (AIC) como está implementado en el programa Modeltest con un nivel

de significancia de 0.01. El modelo HKY85 (Hasegawa, Kishino y Yano 1985) fue identificado como el modelo de sustitución de nucleótidos que más se ajustó a los datos de COI, GTR (General Time-Reversible model; Lanave *et al.* 1984 y Rodriquez *et al.* 1990) para DBY, y GTR+I+G (General Time-Reversible model + proporción de sitios invariables + distribución gamma; Lanave *et al.* 1984 y Rodriquez *et al.* 1990) para el conjunto de datos concatenados. La filogenia Bayesiana fue construida en el programa Mr. Bayes v.3.2 (Ronquist *et al.* 2012) con los modelos evolutivos seleccionados por el ModelTest, cinco cadenas de Markov y 10,000,000 de generaciones.

7.7. Análisis de distancia y estructura genética

Para determinar la diferenciación genética entre los grupos obtenidos en las matrices de los genes COI y DBY se realizaron análisis de distancia media entre grupos en MEGA v.6.0 (Tamura *et al.* 2013) con el modelo evolutivo Kimura 2- parámetros (Kimura, 1980) para los datos de COI, y Tamura-Nei (Tamura y Nei, 1993) para DBY. Al término de cada análisis se guardaron los sitios variables de las secuencias analizadas (Anexo 4).

Para estimar el grado de estructuración genética entre los grupos se realizó un Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) (Excoffier *et al.* 1992) con 1000 permutaciones en el programa Arlequín v.3.5 (Excoffier y Lischer, 2009).

8. Resultados

8.1. Gen COI

8.1.1. ADN y amplicones

En todas las muestras procesadas se obtuvieron concentraciones de 20 a 110 ng/μl de ADN total con un valor de relación 260/280 (ADN/proteínas) de 1.84 a 2.0. Las amplificaciones para el gen COI fueron de aproximadamente 700 pb (Figura 6), fragmento que representa el 42.5% de la longitud total de este gen.

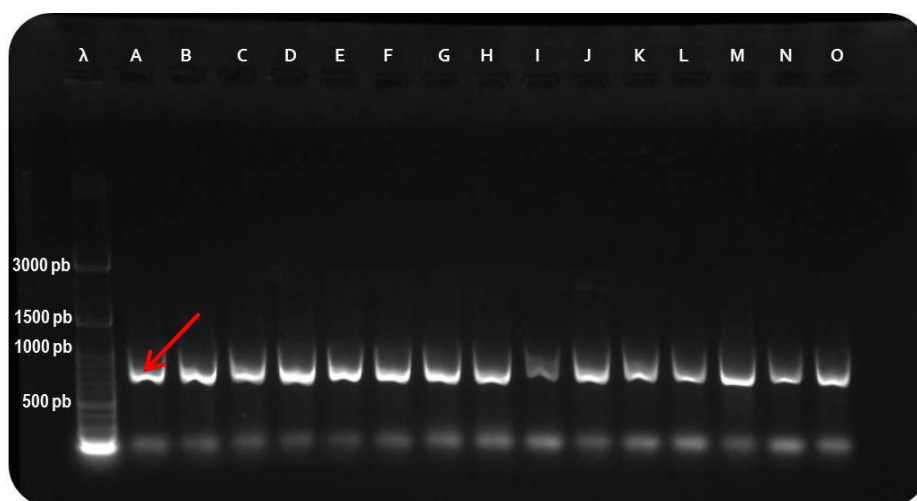


Figura 6. Resultados de la corrida electroforética del fragmento de aproximadamente 700 pb del gen COI. En el primer carril se observan las bandas de referencia del marcador estándar de alto peso molecular (λ), y en los carriles restantes (A-O) se observan las muestras amplificadas.

8.1.2. Secuencias nucleotídicas y haplotipos

La matriz analizada del gen COI tuvo una longitud de 610 pb, en la cual, se encontraron 394 caracteres constantes, 72 variables no informativos y 144 parsimoniosamente informativos. El promedio de la composición de bases fue de: A=25.2%, C=28.3%, G=17.4% y T=29.1%. En

las 452 secuencias analizadas se identificaron 52 haplotipos (Ht) diferentes (Anexo 5) que formaron una red de seis haplogrupos (Hg) separados por 8 a 52 pasos mutacionales (Figura 7).

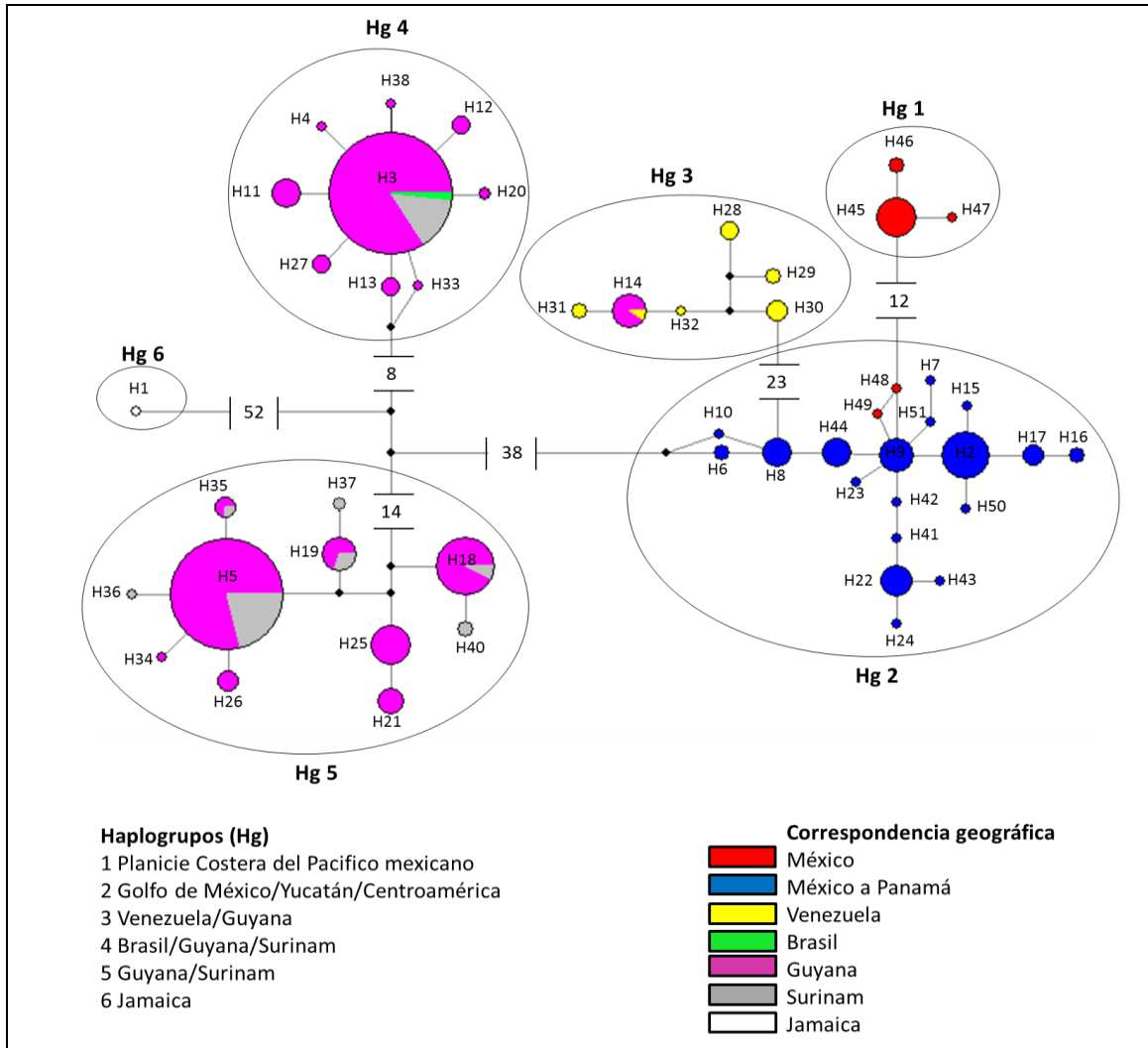


Figura 7. Red haplotípica de los 6 haplogrupos de *Pteronotus parnellii* formados con las secuencias del gen COI. Las líneas que conectan a cada haplotipo indican los pasos mutacionales entre ellos. Los pequeños rombos negros representan a los haplotipos hipotéticos y los diferentes tamaños de los círculos representan la frecuencia haplotípica. Los colores indican la correspondencia geográfica de los haplotipos.

El Hg 1 está conformado únicamente por los Ht de la planicie costera del Pacífico mexicano. El Hg 2 incluye a dos Ht compartidos con el Hg 1, a los de la planicie costera del Golfo de México, los del centro y sur de México y a los de Centroamérica. El Hg 3 a los Ht de Venezuela y el noroeste de Guyana. En los Hg 4 y 5 se identificaron haplotipos compartidos; los Ht de Brasil, Guyana y Surinam conforman al Hg 4 y el Hg 5 incluye a Guyana y Surinam. El Hg 6 contiene al único Ht de Jamaica (Anexo 6).

8.1.3. Reconstrucciones filogenéticas

Todas las topologías obtenidas en las diferentes matrices (657 pb, 610 pb y 408 pb) del gen COI con los métodos MP, NJ, MV y AB fueron similares. Sin embargo, la matriz de 610 pb fue la que proporcionó la mayor resolución y el mayor soporte en las ramas internas de los cladogramas. En la Figura 8 se muestra la reconstrucción filogenética Bayesiana de los 52 haplotipos de este gen. La filogenia recuperó dos grandes clados sustentados por altos valores de soporte Bootstrap, de Probabilidad Posterior Bayesiana (PPB) y el IC.

El clado basal corresponde al linaje de Jamaica (clado 6) y el clado hermano incluyó a otros cinco linajes: 1) Planicie costera del Pacífico mexicano, 2) Golfo de México/Yucatán/Centroamérica, 3) Venezuela/Guayana, 4) Brasil/Guayana/Surinam y 5) Guayana/Surinam). Es importante señalar que esta distribución de los haplotipos en 6 clados, es congruente con lo obtenido en la red haplotípica del mismo gen. Además, cuatro de estos linajes (Golfo de México/Yucatán/Centroamérica, Venezuela/Guayana; Brasil/Guayana/Surinam y Guyana/Surinam) coinciden con los grupos 1 a 4 propuestos por Clare *et al.* (2013) basados en análisis de ADN mitocondrial y nuclear. Sin embargo, en el presente trabajo se propone la ampliación de la distribución de los grupos 1 (desde Tamaulipas México hasta Panamá) y 3 (desde Guyana/Surinam hasta Brasil) propuestos previamente por

Clare *et al.* (2013) (Figura 9). Se confirma también la presencia del linaje basal de Jamaica propuesto anteriormente por De Thoisy *et al.* (2014) basado en ADN mitocondrial.

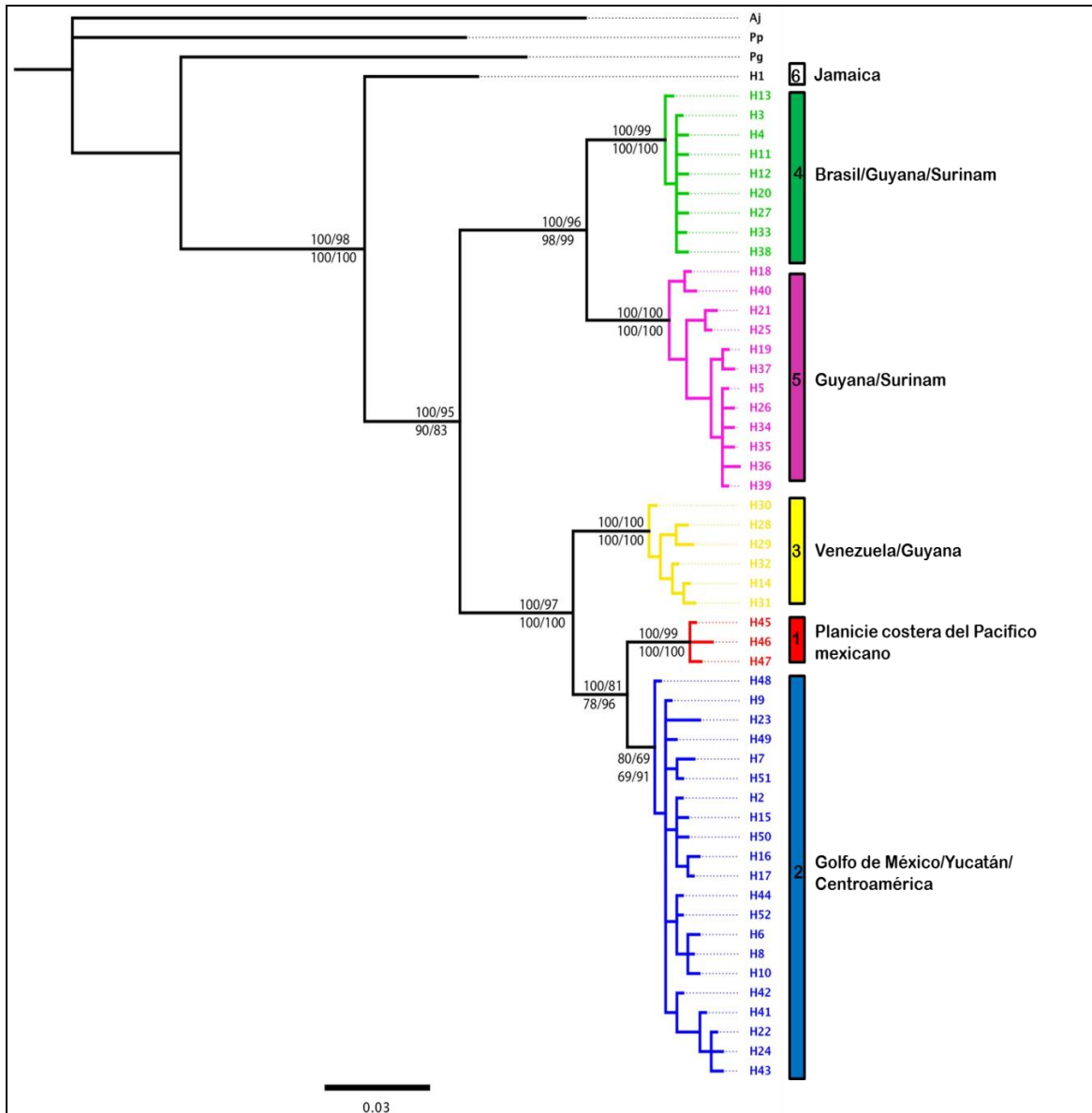


Figura 8. Reconstrucción filogenética Bayesiana de los 52 haplotipos del gen COI para *Pteronotus parnellii*. Los valores de soporte en las ramas indican: arriba (Probabilidad Posterior Bayesiana/Bootstrap MV; abajo (Bootstrap MP/Bootstrap NJ). IC = 65, IR = 90. Los colores indican los 6 linajes con su correspondencia geográfica.

8.1.4. Distancia y estructuración genética

El promedio de distancia media entre los seis grupos obtenidos para el gen COI varió entre 2.9% a 12% (Tabla 3). Estos valores soportan la separación de los 6 haplogrupos reflejados en el análisis filogenético y la red haplotípica, e indican que los linajes de la Planicie costera del Pacífico mexicano, Golfo de México/Yucatán/Centroamérica y Venezuela/Guyana son más cercanos entre sí, pero genéticamente más distantes de los linajes de Brasil/Guyana/Surinam y Guyana/Surinam. Los resultados del AMOVA entre los seis grupos del gen COI indicaron una alta variación genética entre ellos ($F_{ST} = 0.95$; $P < 0.05$; Tabla 4).

Tabla 3. Porcentaje de distancia media entre los 6 haplogrupos obtenidos para el gen COI.

	Hg 1	Hg 2	Hg 3	Hg 4	Hg 5	Hg 6
Hg 1						
Hg 2	2.9					
Hg 3	5.1	4.9				
Hg 4	11.1	9.9	11.2			
Hg 5	11.5	10.9	11.5	5.3		
Hg 6	11.7	10.9	10.8	11.3	12.0	

Tabla 4. Resultados del AMOVA de los 6 haplogrupos obtenidos con el gen COI.

Fuente de la variación	Suma de cuadrados	Componentes de la varianza	Porcentaje de la variación	F_{ST}
Entre Hg	6731.63	21.72	95.11	0.95*
Dentro de los Hg	494.69	1.11	4.88	

* $P < 0.05$

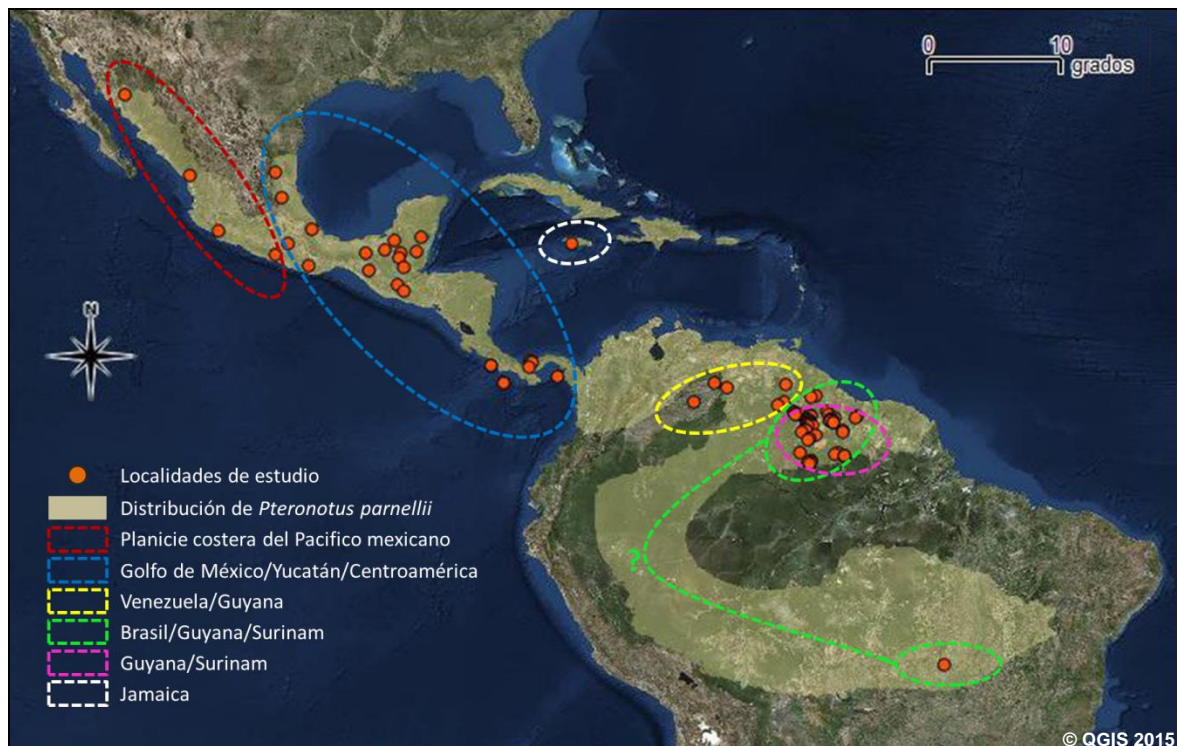


Figura 9. Mapa con la distribución original de *Pteronotus parnellii* sobre la cual se señalan las localidades de estudio y los linajes mitocondriales propuestos (líneas punteadas de colores) en este estudio. Tomado y modificado de <http://www.gbif.org/species/5218620>.

8.2. Gen DBY

8.2.1. ADN y amplicones

El ADN utilizado para la amplificación de aproximadamente 500 pb del gen DBY (Figura 10) fue el mismo que se utilizó para el gen COI. Por lo tanto, los valores de concentración y pureza del ADN corresponden a los descritos en el apartado 8.1.1.

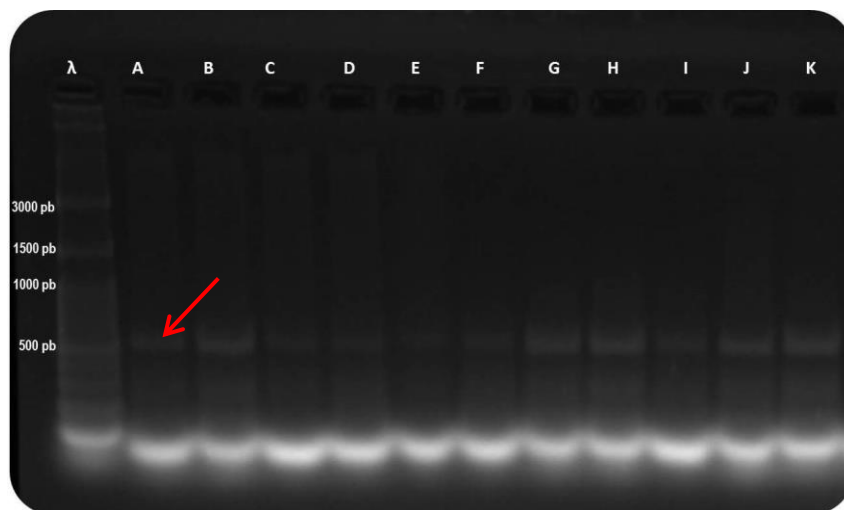


Figura 10. Resultados de la corrida electroforética del fragmento de aproximadamente 500 pb del gen DBY. En el primer carril se observan las bandas de referencia del marcador estándar de alto peso molecular (λ) y en los carriles restantes (A-K) se observan las muestras amplificadas.

8.2.2. Secuencias nucleotídicas y haplotipos

La matriz analizada del gen DBY tuvo una longitud de 438 caracteres, en la cual, se encontraron 162 constantes, 190 variables no informativos y 86 parsimoniosamente informativos. El promedio de la composición de bases fue de: A=27.8%, C=20.2%, G=21.4% y T=30.6%. En las 117 secuencias analizadas se identificaron 5 haplotipos (Ht) diferentes (Anexo 5) que formaron una red de dos haplogrupos (Hg) separados por 26 pasos

mutacionales. El Hg 1 incluye a todos los Ht de México, Guatemala, El Salvador, Panamá, Venezuela, Brasil y el noroeste de Guyana; y el Hg 2 únicamente Ht de Guyana y Surinam (Figura 11).

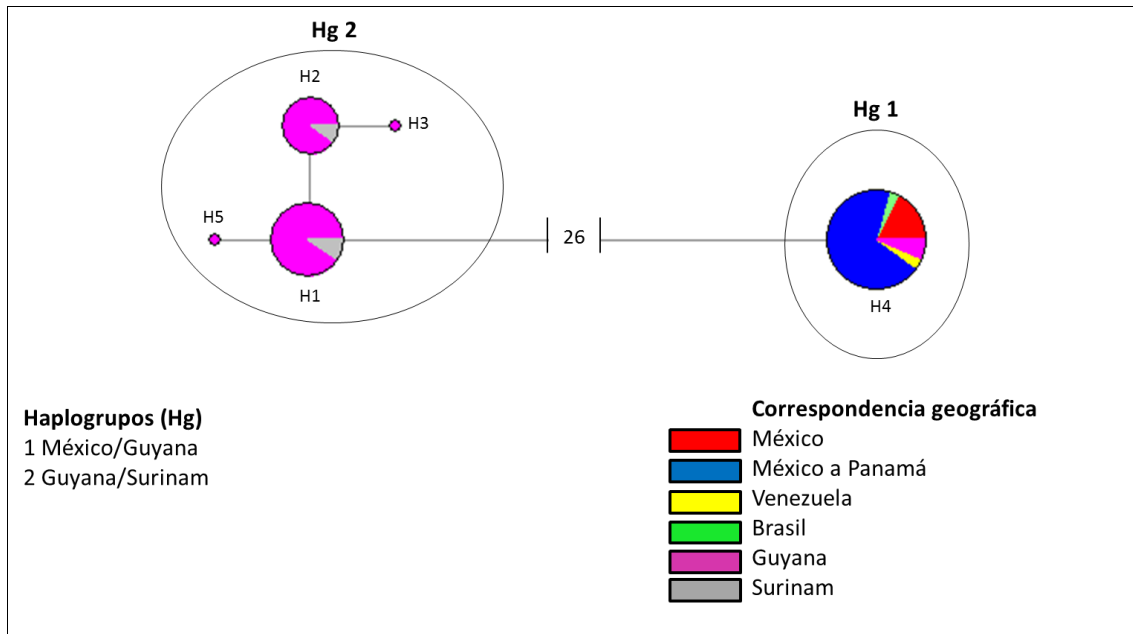


Figura 11. Red haplotípica de los 2 haplogrupos de *Pteronotus parnellii* formados con las secuencias del gen DBY. Las líneas que conectan a cada haplotipo indican los pasos mutacionales entre ellos y los diferentes tamaños de los círculos representan la frecuencia haplotípica. Los colores indican la correspondencia geográfica de los haplotipos.

8.2.3. Reconstrucciones filogenéticas

Todas las topologías obtenidas para el gen DBY con los métodos MP, NJ, MV y AB fueron similares. En la Figura 12 se muestra la reconstrucción filogenética Bayesiana de los 5 haplotipos de este gen. La filogenia muestra dos clados monofiléticos sustentados por altos

valores de soporte de Bootstrap, de PPB y el elevado valor de IC. Un clado incluye a todos los haplotipos de México, Guatemala, El Salvador, Panamá, Venezuela, Brasil y el noroeste de Guyana; y el otro únicamente haplotipos de Guyana y Surinam (Figura 13).

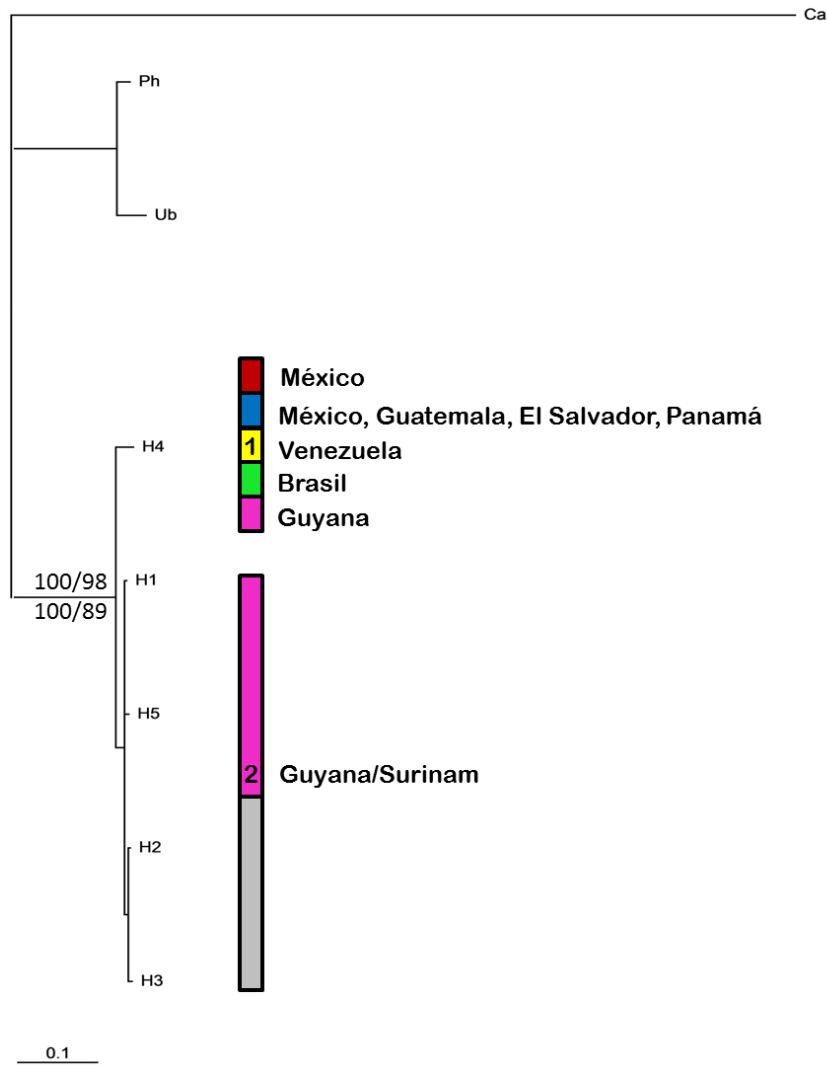


Figura 12. Reconstrucción filogenética Bayesiana de los 5 haplotipos del gen DBY para *Pteronotus parnellii*. Los valores de soporte en las ramas indican: arriba (Probabilidad Posterior Bayesiana/Bootstrap MV; abajo (Bootstrap MP/Bootstrap NJ). IC = 97, IR = 92. Los colores indican la correspondencia geográfica de los haplotipos.



Figura 13. Mapa con la distribución original de *Pteronotus parnellii* sobre la cual se señalan las localidades de estudio y los linajes obtenidos con el gen DBY propuestos (líneas punteadas de colores) en este estudio. Tomado y modificado de <http://www.gbif.org/species/5218620>.

8.2.4. Distancia y estructuración genética

El promedio de distancia media entre los dos grupos obtenidos para el gen DBY fue de 2.6% (Tabla 5), separación que igualmente soportan los haplogrupos obtenidos en los análisis filogenéticos y la red haplotípica. Los resultados del AMOVA entre los dos grupos obtenidos para este gen indicaron una alta variación genética entre ellos ($F_{ST} = 0.98$; $P < 0.05$; Tabla 6), soportando la estructuración de los haplogrupos obtenidos en sus respectivas filogenias y las redes haplotípicas.

Tabla 5. Porcentaje de distancia media entre los 2 haplogrupos obtenidos para el gen DBY.

	Hg 1	Hg 2
Hg 1		
Hg 2	2.6	

Tabla 6. Resultados del AMOVA de los 2 haplogrupos obtenidos con el gen DBY.

Fuente de la variación	Suma de cuadrados	Componentes de la varianza	Porcentaje de la variación	F_{ST}
Entre Hg	703.47	12.07	98.93	0.98*
Dentro de los Hg	14.94	0.12	1.06	

* $P < 0.05$

8.3. Datos concatenados

8.3.1. Reconstrucciones filogenéticas

En las topologías obtenidas para el conjunto de secuencias concatenadas con los métodos NJ, MV y AB se obtuvo baja resolución para la detección de los clados obtenidos con los genes independientes. Sin embargo, la filogenia de MP soporta a 5 de los clados obtenidos en las filogenias del gen COI: 1) Planicie costera del Pacífico mexicano, 2) Golfo de México/Yucatán/Centroamérica, 3) Venezuela/Guyana, 4) Brasil/Guyana/Surinam y 5) Guyana/Surinam (Figura 14).

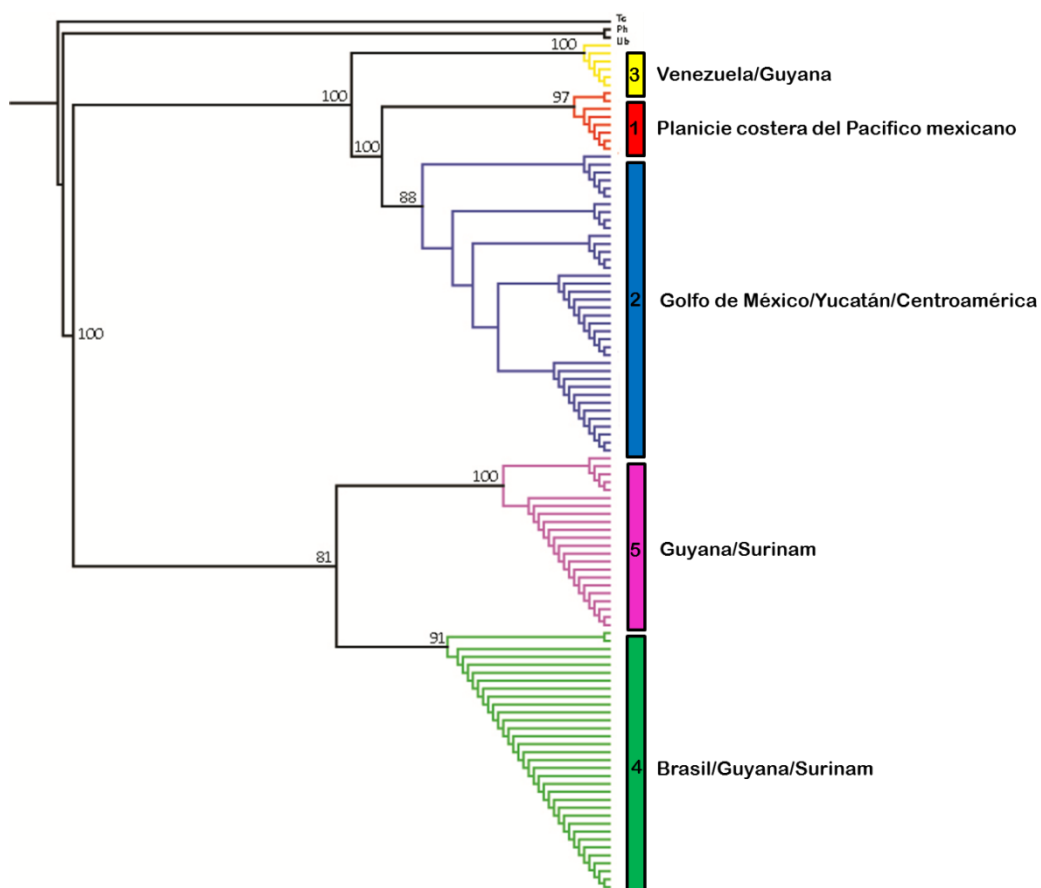


Figura 14. Reconstrucción filogenética de MP para el conjunto de datos concatenados de *Pteronotus parnellii*. Los valores de soporte Bootstrap se muestran sobre las ramas. Los colores indican los linajes con su correspondencia geográfica. IC = 76, IR = 96.

9. Discusión

Los resultados obtenidos en este estudio apoyan la hipótesis de una alta variación y divergencia genética dentro *Pteronotus parnellii* a lo largo de su área de distribución geográfica. La inclusión de muestras provenientes de los extremos norte, centro y sur de su distribución, aunado a la realización de nuevos análisis filogenéticos, de distancia y estructura genética y rescatando los resultados previos obtenidos en otros estudios, permitirán hacer un análisis más detallado y profundo sobre la variación que presenta esta especie.

9.1. Relaciones filogenéticas con base en el gen COI

Los cuatro métodos utilizados en las reconstrucciones filogenéticas coinciden en la monofilia de *P. parnellii* y en la presencia de cinco grupos continentales: uno que corresponde a las poblaciones que viven en la Planicie Costera del Pacífico Mexicano y otros cuatro (Golfo de México/Yucatán/Centroamérica, Venezuela/Guayana, Brasil/Guyana/Surinam y Guyana/Surinam) que coinciden con los grupos propuestos por Clare *et al.* (2013) pero con amplias modificaciones en los límites de su distribución (Figura 9); y uno más que pertenece a la isla de Jamaica.

Debido a la robustez y a la consistencia observada en todos los análisis realizados en este estudio, se propone la fragmentación de la especie *P. parnellii* en al menos 5 linajes continentales y uno insular.

Uno de los linajes presentes en México (Planicie costera del Pacífico mexicano) que no había sido descrito previamente en otros estudios moleculares, corresponde con la subespecie *Pteronotus parnellii mexicanus* descrita por Smith (1972) con base en análisis estadísticos de caracteres morfológicos. Sin embargo, en este estudio se propone la ampliación de la

distribución de este linaje desde la localidad de Carbó, Sonora hasta Colotlipa, Guerrero en México.

El linaje del Golfo de México/Yucatán/Centroamérica corresponde a *Pteronotus parnellii mesoamericanus* (Smith, 1972) cuya distribución había sido descrita desde el sur del Istmo de Tehuantepec, incluyendo a la Sierra de los Tuxtlas y la Península de Yucatán hasta el oeste de Panamá. También coincide con el grupo de Centroamérica (desde Panamá hasta el Sureste de México) propuesto por Clare *et al.* (2013). No obstante, se propone la ampliación de este linaje desde la localidad de Ciudad Victoria, Tamaulipas en México, hasta el Parque Nacional Darién en Panamá, además los individuos de la Isla Coiba en Panamá que también son incluidos dentro de este linaje.

Con los resultados obtenidos en este estudio para los dos linajes distribuidos en México (Planicie costera del Pacífico mexicano y México/Yucatán/Centroamérica), se demuestra que la distribución geográfica de *P. parnellii mesoamericanus* se extiende hasta el noreste de México y que el Istmo de Tehuantepec no es la barrera que separó a estos dos linajes como se había descrito anteriormente (Smith, 1972), y sean probablemente los eventos orográficos más recientes del Eje Neovolcánico Transversal y las oscilaciones climáticas ocurridas al interior de la Depresión del Balsas las causantes de esta diferenciación, tal y como como se ha registrado para diversos taxa de amplia distribución en México (Hernández Canchola, 2013; Castro-Torreblanca *et al.* 2014; Arbeláez-Cortés *et al.* 2014).

Por otra parte, los valores de distancia genética obtenidos para los dos linajes distribuidos en México (2.9%) no permitieron proponerlos como especies crípticas, ya que de acuerdo con el criterio de Baker y Bradley (2006) se requiere de al menos un 5% de distancia genética para proponer a una especie como críptica, por lo que en este estudio se establecen como linajes mitocondriales intraespecíficos. Sin embargo, la clara diferenciación (distancia genética de

4.9%-12%) de estos dos linajes con respecto a los distribuidos en Sudamérica y Jamaica (Venezuela/Guayana, Brasil/Guyana/Surinam, Guyana/Surinam y Jamaica) refuerzan la propuesta de Van Den Bussche *et al.* (2002) y Clare *et al.* (2013) de que *Pteronotus parnellii* es actualmente un complejo de especies crípticas no descritas.

Los resultados de este estudio también confirman la existencia de los tres linajes propuestos por Clare *et al.* (2013) para Sudamérica (grupo 2 de las tierras altas del escudo Guianes, y los grupos 3 y 4 que ocupan distribuciones simpátricas en las tierras bajas del escudo Guianes y Surinam). Sin embargo, con la inclusión de muestras de Caverna do Bigode en Brasil, se propone la ampliación del grupo 3 (sensu Clare *et al.* 2013) hasta el extremo sur de la distribución de *P. parnellii*. También, se ratifica la validez de *P. parnellii* como un complejo de especies crípticas de acuerdo con los valores de las distancias genéticas obtenidos para estos linajes (5.1%-11.5%). La diferenciación genética de estos linajes podría estar influenciada por la complejidad ambiental y topográfica que existe dentro del escudo Guianes (Hammond, 2005) la cual, ha delimitado la distribución de muchas especies de aves (Naka *et al.* 2012) y murciélagos (Velazco y Burton, 2014) que se distribuyen dentro de esta área.

Los resultados de las filogenias obtenidas para el único linaje insular considerado en este estudio (Jamaica), soportan la validez de este linaje como el basal de *P. parnellii*, confirmando lo obtenido por De Thoisy *et al.* (2014) con el gen mitocondrial COI. Este resultado, junto con las distancias genéticas obtenidas para este linaje con respecto a todos los demás descritos en este estudio (10.9%-12%) confirman también las propuestas de Lewis-Oritt *et al.* (2001) y Dávalos (2006) sobre la existencia de una alta divergencia genética entre linajes insulares y continentales. Por lo cual, se infiere que este linaje tiene un origen muy anterior a la diversificación en el continente americano y un probable origen Antillano.

9.2. Relaciones filogenéticas con base en el gen DBY

Los linajes obtenidos con el gen DBY fueron diferentes a los obtenidos con el gen COI. Estas diferencias entre linajes mitocondriales y nucleares han sido reportadas en otros estudios con murciélagos neotropicales (Lim *et al.* 2008; Clare, 2011) y podría deberse a que la región analizada del gen DBY (intrón 7) presenta una tasa mutacional mucho menor a la encontrada para el gen COI. Sin embargo, hasta el momento no se cuenta con información suficiente sobre la tasa mutacional de este gen, pero Hare y Palumbi (2003) demostraron en un estudio con intrones de mamíferos que existe un alto grado de conservación en ADN no codificante, lo cual, podría sugerir la existencia de abundantes elementos regulatorios en estas regiones. Por ello, y por la posición del intrón 7 dentro del gen DBY se infiere que esta región podría tener una importante función regulatoria en el proceso de iniciación de la espermatogénesis, que es el principal proceso que lleva a cabo este gen (Lim *et al.* 2008).

La baja resolución obtenida para el gen DBY tampoco permitió detectar patrones de movimientos masculinos que pudieran tener un papel relevante en la diferenciación genética; aspecto que puede ser relevante debido a que se ha reportado una segregación sexual en tiempo y en el espacio, al menos para algunas de las poblaciones que conforman al linaje de la Planicie costera del Pacífico mexicano (Torres-Flores *et al.* 2012).

10. Conclusiones

Se determinó la presencia de cinco linajes de *Pteronotus parnellii* en el continente americano:

1) Planicie costera del Pacífico mexicano; 2) Golfo de México/Yucatán/Centroamérica; 3) Venezuela/Guyana; 4) Brasil/Guyana/Surinam; 5) Guyana/Surinam, y uno más perteneciente a la región de las Antillas Mayores; 6) Jamaica.

Los eventos de orogénesis más recientes del Eje Neovolcánico Transversal, las oscilaciones climáticas del Pleistoceno ocurridas al interior de la Depresión del Balsas, así como las diferentes condiciones ecológicas y topográficas que existen dentro del Escudo Guianes parecen jugar un papel muy importante en el proceso de diferenciación genética de los linajes considerados en este estudio.

Se infiere que *P. parnellii* de Jamaica es el linaje ancestral y que probablemente, y de acuerdo con el registro fósil más antiguo encontrado en La Hispanola (Puerto Rico) el lugar de origen de esta especie se encuentre en alguna de las islas de las Antillas Mayores.

Los análisis filogenéticos demuestran la monofilia de *P. parnellii* y sugieren relaciones de parentesco más cercanas entre los linajes continentales (Planicie costera del Pacífico mexicano, Golfo de México/Yucatán/Centroamérica, Venezuela/Guyana, Brasil/Guyana/Surinam y Guyana/Surinam) y más lejanas con el linaje insular (Jamaica).

Debido a que los linajes continentales forman dos grupos hermanos en todas la filogenias, no se puede saber con precisión la dirección en que dispersaron por primera vez, pero es probable que de las islas de las Antillas Mayores hayan migrado en dos direcciones: 1) hacia el sureste de México, dispersándose por las costas del Golfo y del Pacífico mexicano, y 2) hacia Sudamérica, teniendo contacto muy antiguo en las tierras del escudo Guianes. Esto explicaría en parte, la alta divergencia genética que existe entre los linajes distribuidos en México y Centroamérica, con respecto a los de Sudamérica, y más aún con el linaje insular.

11. Perspectivas

Los patrones de distancia y estructura genética obtenidos en este estudio, sugieren que los dos linajes distribuidos en México (Planicie costera del Pacífico mexicano y Golfo de México/Yucatán/Centroamérica) son lo suficientemente diferentes como para ser considerados como posibles especies crípticas. No obstante, son necesarios más estudios moleculares en los que se utilicen marcadores con una alta tasa mutacional así como de análisis morfológicos y morfométricos que corroboren esta hipótesis.

El análisis filogenético de las poblaciones que se encuentran en las islas de las Antillas Mayores y su comparación con las continentales, ayudaría a dilucidar el origen y diversificación de *P. parnellii*.

La extensión de la distribución del linaje de Brasil/Guyana/Surinam es una conclusión válida y soportada por todos los análisis filogenéticos realizados en este estudio, pero se requiere de un mayor muestreo que incluya gran parte del área de distribución de *P. parnellii* en Brasil, y con ello confirmar si las poblaciones que habitan en esta región conforman a un solo linaje.

Para lograr identificar patrones de movimiento masculinos se requiere del uso de otros marcadores moleculares de herencia paterna con una mayor tasa mutacional y de estudios ecológicos que permitan determinar si en *P. parnellii* existe la migración dividida por sexos y la filopatría, tal y como se ha registrado para otros murciélagos neotropicales.

12. Referencias

- ARBELÁEZ-CORTÉS E. MILÁ B. y NAVARRO-SIGÜENZA A. G. 2014. Multilocus analysis of intraspecific differentiation in three endemic bird species from the northern Neotropical dry forest. *Molecular phylogenetics and evolution*, 70, 362-377.
- BAKER R. J. y BRADLEY R. D. 2006. Speciation in mammals and the genetic species concept. *Journal of Mammalogy*, 87: 643-662.
- BANDELT H. J. FORSTER P. y RÖHL, A. 1999. Median-Joining Networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16: 37-48.
- BORISENKO A. V. LIM B. K. IVANOVA N. V. HANNER R. H. y HEBERT P. D. 2008. DNA barcoding in surveys of small mammal communities: a field study in Suriname. *Molecular Ecology Resources*, 8: 471-479.
- CASTRO-TORREBLANCA M. BLANCAS-CALVA E. RODRÍGUEZ-MIRÓN G. M. ESPINOSA-ORGANISTA D. N. 2014. Patrones espaciales de distribución y diversidad de la avifauna en la provincia del Balsas. *Revista mexicana de biodiversidad*, 85: 823-830.
- CLARE E. L. LIM B. K. EGER J. L. y ENGSTROM M. D. Unpublished. Cryptic species in parnells mustached bat *Pteronotus parnellii* molecular, morphological and acoustic evidence.
- CLARE E. L. 2011. Cryptic Species? Patterns of maternal and paternal gene flow in eight Neotropical bats. *PLoS ONE*, In Press.
- CLARE E. L. ADAMS A. M. MAYA-SIMÕES A. Z. EGER J. L. HEBERT P. D. N. y FENTON, B. M. 2013. Diversification and reproductive isolation: cryptic species in the only New World high-duty cycle bat, *Pteronotus parnellii*. *BMC Evolutionary Biology*, 13:26.
- CLARE E. L. LIM B. K. FENTON M. B. y HEBERT P. D. N. 2011. Neotropical Bats: Estimating Species Diversity with DNA Barcodes. *PLoS ONE* 6: e22648.
- CZAPLEWSKI N. J. y MORGAN, G. S. 2003. Fossil bats of the Americas. http://www.snomnh.ou.edu/collections%26research/vertebrate_paleontology/fossil_bats/index.shtml.

- DÁVALOS L. M. 2006. The geography of diversification in the mormoopids (Chiroptera: Mormoopidae). *Biological Journal of the Linnean Society*, 88: 101-118.
- DE THOISY B. PAVAN A. C. DELAVAL M. LAVERGNE A. LUGLIA T. PINEAU K. RUEDI M. RUFRAY V. y CATZEFLIS F. 2014. Cryptic diversity in common mustached bats *Pteronotus cf. parnellii* (Mormoopidae) in French Guiana and Brazilian Amapá. *Acta Chiropterologica*, 16: 1–13.
- EXCOFFIER L. SMOUSE P. y QUATTRO J. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131: 479-491.
- EXCOFFIER L. y LISCHER H. 2009. Arlequin v. 3.5. An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis. Computational and Molecular Population Genetics Lab (CMPG). Institute of Ecology and Evolution. University of Berne, Switzerland.
- FARRIS J. S. KÄLLERSJÖ M. KLUGE A. G. y BULT, C. 1994. Testing significance of incongruence. *Cladistics*, 10: 315-319.
- FELSENSTEIN J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39: 783-91.
- GOLOBOFF P. 1999. NONA (NO NAME) ver. 2 Published by the author, Tucumán, Argentina.
- GRAY J. E. 1843. [Letter addressed to the Curator]. *Proceedings of the Zoological Society of London*, 1843: 50.
- HAMADA A. J. ESTEVES S. C. y AGARWAL A. 2013. A comprehensive review of genetics and genetic testing in azoospermia. *Clinics*, 68: 39-60.
- HAMMOND D. S. 2005a. Ancient land in a modern world. En *Tropical forests of the Guiana shield. Ancient forests in a modern world*. CABI, Wallingford, 1-14.
- HAMMOND D. S. 2005b. Biophysical features of the Guiana Shield. En *Tropical forests of the Guiana Shield. Ancient forests in a modern world*. CABI, Wallingford, 15-194.

- HARE M. P. y PALUMBI, S. R. 2003. High intron sequence conservation across three mammalian orders suggests functional constraints. *Molecular Biology and Evolution*, 20: 969-978.
- HASEGAWA M. KISHINO H. y YANO T. 1985. Dating the human-ape split by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 22: 160-174.
- HERD R. M. 1983. *Pteronotus parnellii*. *Mammalian species*, 209: 1-5.
- HERNÁNDEZ CANCHOLA, G. 2013. Filogeografía de *Sturnira lilium* (Chiroptera: Phyllostomidae) en Mesoamerica. Tesis de Licenciatura, Universidad Autónoma de México.
- INTERNATIONAL BARCODE OF LIFE (iBOL). iBOL Data Release. Unpublished.
- IVANOVA N. V. DEWAARD, J. R. y HEBERT, P. D. 2006. An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular Ecology Notes*, 6: 998-1002.
- KIMURA M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*, 16: 111-120.
- LANAVE, C. PREPARATA G. SACCONI C. y G. SERIO. 1984. A new method for calculating evolutionary substitution rates. *Journal of molecular evolution*, 20: 86-93.
- LEWIS ORITT N. PORTER C. A. y BAKER R. J. 2001. Molecular systematics of the family Mormoopidae (Chiroptera) based on cytochrome b and recombination activating gene 2 sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 20: 426-436.
- LIBRADO P. y ROZAS J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* doi: 10.1093/bioinformatics/btp187.
- LIM B. K. ENGSTROM M. D. EGER J. L. y BORISENKO A. V. Unpublished. ROM Mammals – Guyana.
- LIM B. K. ENGSTROM M. D. BICKHAM J. W. y PATTON J. C. 2008. Molecular phylogeny of New World sheath-tailed bats (Emballonuridae: Diclidurini) based on loci from the four

- genetic transmission systems of mammals. *Biological Journal of the Linnean Society*, 93: 189-209.
- LINARES O. J. y OJASTI, J. 1974. Una nueva subespecie del murciélago *Pteronotus parnellii*, en las cuevas de la Península de Paraguaná, Venezuela (Chiroptera: Mormoopidae). *Boletín de la Sociedad Venezolana de Espeleología*, 5, 73-78.
- LOPERA-BARRERO, N. M. POVH, J. A. RIBEIRO, R. P. GOMES, P. C. JACOMETO, C. B. y SILVA LOPES, T. D. 2008. Comparación de protocolos de extracción de ADN con muestras de aleta y larva de peces: extracción modificada con cloruro de sodio. *Ciencia e investigación agraria*, 35: 77-86.
- LÓPEZ-WILCHIS R. FLORES-ROMERO M. GUEVARA-CHUMACERO L. M. SERRATO-DÍAZ A. DÍAZ-LARREA J. SALGADO-MEJÍA F. IBAÑEZ C. SALLES L. O. Y JUSTE J. Unpublished. Diversification of *Pteronotus parnellii* (Chiroptera: Mormoopidae) and evidence of cryptic diversity in Mexico.
- NAKA L. N. BECHTOLDT C. L. HENRIQUES L. M. P. y BRUMFIELD R. T. 2012. The role of physical barriers in the location of avian suture zones in the Guiana Shield, northern Amazonia. *The American Naturalist*, 179: E115-E132.
- NIXON K. C. 1999-2002. WinClada ver. 1.0000 Published by the author, Ithaca, NY, USA.
- POSADA D. y CRANDALL, K. A. 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics*, 14: 817-818.
- RODRIGUEZ, R. OLIVER J. L. MARIN A. y MEDINA J. R. 1990. The general stochastic model of nucleotide substitution. *Journal of theoretical biology*, 142: 485-501.
- RONQUIST F. TESLENKO M. VAN DER MARK P. AYRES D. L. DARLING A. HÖHNA S. LARGET B. LIU L. SUCHARD M.A. y HUELSENBECK J. P. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic biology*, 61: 539-542.
- SMITH, J. D. 1972. Systematics of the Chiropteran. Family Mormoopidae. University of Kansas. *Museum of Natural History*, 56: 1-132.

- SWOFFORD D. L. 2002. PAUP. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and other Methods). Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- TAMURA K. STECHER G. PETERSON D. FILIPSKI A. y KUMAR S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30: 2725-2729.
- TAMURA K. y NEI, M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular biology and evolution*, 10: 512-526.
- TORRES-FLORES, J. W. LÓPEZ-WILCHIS R. y SOTO-CASTRUITA A. 2012. Dinámica poblacional, selección de sitios de percha y patrones reproductivos de algunos murciélagos cavernícolas en el oeste de México. *International Journal of Tropical Biology and Conservation*, 60: 1369-1389.
- VAN DEN BUSSCHE R. A. HOOFER S. R. y SIMMONS N. B. 2002. Phylogenetic relationships of mormoopid bats using mitochondrial gene sequences and morphology. *Journal of Mammalogy*, 83: 40-48.
- VAN DEN BUSSCHE R. A. y WEYANDT A. E. 2003. Mitochondrial and nuclear DNA sequence data provide resolution to sistergroup relationships within *Pteronotus* (Chiroptera: Mormoopidae). *Acta Chiropterologica*, 5: 1-13.
- VELAZCO, P. M. y BURTON K. L. 2014. A new species of broad-nosed bat *Platyrrhinus* Saussure, 1860 (Chiroptera: Phyllostomidae) from the Guianan Shield. *Zootaxa*, 3796: 175-193.
- YIN C. y SHI C. 2014. Mitochondrial genome of the neotropical Parnell's mustached bat *Pteronotus parnellii* (*Pteronotus*, Mormoopidae). *Mitochondrial DNA*, 0: 1-2.
- ZHANG Z. SCHWARTZ S. WAGNER L. y MILLER W. 2000. A greedy algorithm for aligning DNA sequences. , *Journal of Computational biology*, 7: 203-14.

13. Anexos

1. Accesos GenBank

Accesos GenBank	Especimen / Voucher	Gen	Procedencia	Referencia
KF636820	ROM 120826	COI	JAMAICA	De Thoisy <i>et al.</i> 2014
JF499030	----- BCB F-44	COI	BELICE	Clare Unpublished
JF499031	----- BCB F-76b	COI	BELICE	Clare Unpublished
* JF448352	ROM 101360	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448353	ROM 101361	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448354	ROM 101362	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448355	ROM 101363	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448351	ROM 101400	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448268	ROM 101401	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448270	ROM 101424	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448273	ROM 101425	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448269	ROM 101426	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448267	ROM 101427	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448272	ROM 101459	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448271	ROM 101460	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448265	ROM 101470	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448266	ROM 101476	COI	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448362	ROM 98483	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448278	ROM 99234	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448277	ROM 99235	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448276	ROM 99389	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448361	ROM 99390	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448274	ROM 99475	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448275	ROM 99494	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448358	ROM 99495	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448359	ROM 99496	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448360	ROM 99522	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448356	ROM 99610	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448357	ROM 99611	COI	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448258	ROM 97957	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448259	ROM 97963	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448260	ROM 97964	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448211	ROM 97965	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448212	ROM 97966	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448213	ROM 97967	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448214	ROM 98110	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448215	ROM 98111	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448216	ROM 98127	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011

JF448217	ROM	98128	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448225	ROM	100239	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448226	ROM	100240	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448227	ROM	100251	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448228	ROM	100278	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448229	ROM	100279	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448230	ROM	100280	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448231	ROM	100281	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448232	ROM	100303	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448233	ROM	100304	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448234	ROM	100383	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448235	ROM	100384	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448236	ROM	100385	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448237	ROM	100386	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448238	ROM	100387	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448239	ROM	100388	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448240	ROM	100389	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448241	ROM	100390	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448242	ROM	100391	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448243	ROM	100392	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448244	ROM	100393	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448245	ROM	100394	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448218	ROM	100395	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448219	ROM	100396	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448220	ROM	100397	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448221	ROM	100398	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448222	ROM	100399	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448223	ROM	100400	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448224	ROM	100401	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448246	ROM	100417	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448247	ROM	100427	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448248	ROM	100428	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448249	ROM	100429	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448250	ROM	100430	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448251	ROM	100431	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448252	ROM	100460	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448254	ROM	100462	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448255	ROM	100858	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448256	ROM	100871	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448257	ROM	100948	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448375	ROM	101046	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448386	ROM	102894	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448387	ROM	102895	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011

JF448388	ROM	102896	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448389	ROM	102929	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448390	ROM	102930	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448391	ROM	102973	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448392	ROM	102990	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448393	ROM	102991	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448400	ROM	103006	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448401	ROM	103083	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448402	ROM	103084	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448404	ROM	103126	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448405	ROM	103215	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448376	ROM	103374	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448377	ROM	103375	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448378	ROM	103376	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448379	ROM	103420	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448380	ROM	103421	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448381	ROM	103422	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448382	ROM	103466	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448383	ROM	103471	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448384	ROM	103493	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448385	ROM	103494	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448406	ROM	104675	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448407	ROM	104704	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448408	ROM	104705	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448409	ROM	104706	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448410	ROM	104737	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448411	ROM	104770	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448286	ROM	104779	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448287	ROM	104798	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448288	ROM	104819	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448289	ROM	106555	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448290	ROM	106575	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448291	ROM	106585	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448292	ROM	106659	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448293	ROM	106667	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448294	ROM	106741	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448295	ROM	106776	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448296	ROM	107036	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448297	ROM	107037	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448298	ROM	107038	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448299	ROM	107045	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448300	ROM	107046	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448301	ROM	107070	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011

JF448302	ROM	107118	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448303	ROM	107148	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448304	ROM	107161	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448305	ROM	107162	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448306	ROM	107189	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448307	ROM	107201	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448308	ROM	107210	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448309	ROM	107211	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448310	ROM	107212	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448314	ROM	107213	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448315	ROM	107218	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448316	ROM	107219	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448317	ROM	107231	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448318	ROM	107232	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448319	ROM	107233	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448320	ROM	107273	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448321	ROM	107274	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448322	ROM	107275	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448323	ROM	107276	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448324	ROM	107341	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448325	ROM	107348	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448326	ROM	107358	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448327	ROM	107359	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448328	ROM	107360	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448329	ROM	107361	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448330	ROM	108101	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448311	ROM	108199	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448312	ROM	108210	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448313	ROM	108211	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448460	ROM	108235	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448467	ROM	108577	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448462	ROM	108901	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448118	ROM	108915	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
EF080592	ROM	108916	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2007
EF080593	ROM	108934	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2007
JF448117	ROM	108938	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448116	ROM	108953	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448464	ROM	108967	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448465	ROM	108968	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448463	ROM	109015	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448466	ROM	109024	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448417	ROM	109292	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448418	ROM	109314	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011

JF448419	ROM	109323	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448420	ROM	109324	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448421	ROM	111534	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448422	ROM	111541	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448423	ROM	111556	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448431	ROM	111569	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448432	ROM	111596	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448433	ROM	111664	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448435	ROM	111799	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448436	ROM	111814	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448437	ROM	111846	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448438	ROM	111847	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448439	ROM	111848	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448440	ROM	111908	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448441	ROM	111937	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448442	ROM	111939	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448424	ROM	112011	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448425	ROM	112018	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448426	ROM	112037	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448427	ROM	112038	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448428	ROM	112039	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448429	ROM	112060	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448430	ROM	112061	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448443	ROM	112619	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448444	ROM	112658	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448445	ROM	112666	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448446	ROM	112667	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448447	ROM	112668	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448448	ROM	113356	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448449	ROM	113365	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448450	ROM	113366	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448451	ROM	113368	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448452	ROM	113384	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448453	ROM	113393	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448454	ROM	113394	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448455	ROM	113395	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448456	ROM	113396	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448457	ROM	113407	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448458	ROM	113408	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448459	ROM	113461	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448197	ROM	113511	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448198	ROM	113525	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448199	ROM	113526	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011

JF448200	ROM	113539	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448201	ROM	113548	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448202	ROM	113549	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448203	ROM	113550	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448204	ROM	113563	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448205	ROM	113564	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448206	ROM	113565	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448207	ROM	113577	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448208	ROM	113578	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448209	ROM	113626	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448210	ROM	113739	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448412	ROM	113780	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448413	ROM	113811	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448414	ROM	113823	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448415	ROM	113824	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448416	ROM	114619	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448364	ROM	115481	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448365	ROM	115482	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448366	ROM	115483	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448367	ROM	115484	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448368	ROM	115485	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448369	ROM	115486	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448370	ROM	115487	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448371	ROM	115488	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448372	ROM	115489	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448373	ROM	115490	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448374	ROM	115493	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448394	ROM	115532	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448395	ROM	115533	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448396	ROM	115559	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448151	ROM	115560	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448152	ROM	115561	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448153	ROM	115578	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448154	ROM	115584	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448155	ROM	115585	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448156	ROM	115596	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448163	ROM	115645	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448157	ROM	115646	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448158	ROM	115647	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448159	ROM	115648	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448160	ROM	115649	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448161	ROM	115653	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448162	ROM	115654	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011

JF448164	ROM	115670	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448165	ROM	115671	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448171	ROM	115693	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448172	ROM	115696	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448173	ROM	115697	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448174	ROM	115698	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448175	ROM	115699	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448176	ROM	115700	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448177	ROM	115701	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448178	ROM	115734	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448179	ROM	115735	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448180	ROM	115749	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448181	ROM	115750	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448182	ROM	116491	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448183	ROM	116507	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448184	ROM	116508	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448185	ROM	116509	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448186	ROM	116524	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448187	ROM	116549	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448188	ROM	116550	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448189	ROM	116551	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448190	ROM	116582	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448191	ROM	116585	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448192	ROM	116593	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448193	ROM	116594	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448194	ROM	116595	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448195	ROM	116596	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448196	ROM	116598	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448166	ROM	116633	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448167	ROM	116636	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448168	ROM	116650	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448169	ROM	116651	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448170	ROM	116653	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF455414	ROM	118933	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF455412	ROM	118944	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF455417	ROM	118956	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF455418	ROM	118979	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF455416	ROM	118994	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF455415	ROM	119194	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF455413	ROM	119236	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF459255	ROM	119761	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
JF459254	ROM	119770	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
JF459253	ROM	119837	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished

	JF459252	ROM	119843	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
	JF459251	ROM	119844	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
	JF459250	ROM	119856	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
	JF459249	ROM	119873	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
	JF459248	ROM	119889	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
	JF459247	ROM	119894	COI	GUYANA	Lim <i>et al.</i> Unpublished
*	JF448363	ROM	F39025	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448461	ROM	F43287	COI	GUYANA	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448279	ROM	95741	COI	MÉXICO	Clare <i>et al.</i> 2011
**	KT257096	H	41	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
	KT257097	H	42	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257098	H	43	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257099	H	44	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257100	H	45	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257101	H	46	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
	KT257102	H	47	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257103	H	48	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257104	H	49	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257105	H	50	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257106	H	51	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
**	KT257107	H	52	COI	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
	JF448119	ROM	104205	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448264	ROM	104227	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448263	ROM	104262	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448338	ROM	104263	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448339	ROM	104264	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448262	ROM	104303	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448340	ROM	104304	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448261	ROM	104328	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448341	ROM	104355	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448342	ROM	104369	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448337	ROM	F38044	COI	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448284	ROM	113978	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448398	ROM	114045	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448280	ROM	114060	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448399	ROM	114151	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448331	ROM	116859	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448332	ROM	116920	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448333	ROM	116939	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448334	ROM	116943	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
	JF448335	ROM	117012	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
*	JF448336	ROM	117028	COI	SURINAM	Clare <i>et al.</i> 2011
	EU096921	ROM	117176	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008

EU096911	ROM	117187	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096925	ROM	117198	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096902	ROM	117213	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096909	ROM	117214	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096922	ROM	117226	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096923	ROM	117227	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096903	ROM	117255	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096906	ROM	117282	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096913	ROM	117288	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096905	ROM	117289	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096907	ROM	117303	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096908	ROM	117338	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096914	ROM	117367	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096915	ROM	117397	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096916	ROM	117429	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096917	ROM	117545	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096912	ROM	117567	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096919	ROM	117576	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096920	ROM	117591	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096918	ROM	117608	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096924	ROM	117654	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
EU096910	ROM	117681	COI	SURINAM	Borisenko <i>et al.</i> 2008
JQ601315	ROM	119481	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601320	ROM	119488	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601321	ROM	119489	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601326	ROM	119496	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601328	ROM	119498	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601329	ROM	119499	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601337	ROM	119508	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601346	ROM	119518	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601349	ROM	119522	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601402	ROM	119653	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601410	ROM	119674	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601411	ROM	119675	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601412	ROM	119676	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601417	ROM	119684	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601418	ROM	119685	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601422	ROM	119693	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601424	ROM	119699	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601172	ROM	120558	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601193	ROM	120589	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601204	ROM	120602	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601210	ROM	120612	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished

JQ601211	ROM	120613	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601212	ROM	120614	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601222	ROM	120630	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601223	ROM	120631	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601237	ROM	120645	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601253	ROM	120663	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601258	ROM	120667	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601267	ROM	120678	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601272	ROM	120684	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JQ601273	ROM	120685	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
HQ545477	ROM	120275	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
HQ919657	ROM	120294	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
HQ919674	ROM	120313	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
HQ919698	ROM	120339	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
HQ919758	ROM	120408	COI	SURINAM	iBOL Data Release. Unpublished
JF448343	ROM	107854	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448344	ROM	107855	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448345	ROM	107856	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448120	ROM	107857	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448281	ROM	107858	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448346	ROM	107859	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448347	ROM	107860	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448348	ROM	107861	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF448349	ROM	107862	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448350	ROM	107863	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448283	ROM	107924	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448282	ROM	107934	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
JF448397	ROM	107943	COI	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> 2011
* JF459311	ROM	101401	DBY	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459312	ROM	101426	DBY	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459330	ROM	101360	DBY	EL SALVADOR	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459313	ROM	99389	DBY	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459331	ROM	99610	DBY	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459314	ROM	99235	DBY	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459332	ROM	99496	DBY	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459333	ROM	99522	DBY	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459334	ROM	99390	DBY	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459335	ROM	98483	DBY	GUATEMALA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459308	ROM	97957	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459303	ROM	113739	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459304	ROM	97965	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459305	ROM	98110	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459306	ROM	100386	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished

* JF459307	ROM	100462	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459318	ROM	106667	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459323	ROM	107348	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459337	ROM	115481	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459339	ROM	103420	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459340	ROM	103466	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459341	ROM	102929	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459343	ROM	102990	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459344	ROM	102991	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459345	ROM	115533	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459349	ROM	103083	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459350	ROM	103126	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459351	ROM	113811	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459352	ROM	113823	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459354	ROM	109292	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459356	ROM	111596	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459361	ROM	112619	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459362	ROM	112666	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459363	ROM	112667	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459364	ROM	112668	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459365	ROM	113365	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459367	ROM	113393	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459368	ROM	113394	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459371	ROM	109024	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459294	ROM	116636	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459296	ROM	116651	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459297	ROM	116491	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459298	ROM	116524	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459299	ROM	116550	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459300	ROM	116551	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459301	ROM	116582	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459302	ROM	116598	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459317	ROM	106659	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459320	ROM	107189	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459336	ROM	F39025	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459342	ROM	102973	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459355	ROM	111534	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459358	ROM	111814	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459359	ROM	111908	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459366	ROM	113366	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459369	ROM	113408	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459372	ROM	108577	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459360	ROM	111939	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished

* JF459321	ROM 108210	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459322	ROM 108211	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459324	ROM 108101	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459370	ROM F43287	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
JF459348	ROM 103006	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
JF459338	ROM 115482	DBY	GUYANA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
** KT257108	H 4	DBY	MÉXICO	López-Wilchis <i>et al.</i> Unpublished
* JF459327	ROM 104355	DBY	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459310	ROM 104227	DBY	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459328	ROM 104369	DBY	PANAMÁ	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459316	ROM 113978	DBY	SURINAM	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459325	ROM 116943	DBY	SURINAM	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459326	ROM 117028	DBY	SURINAM	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459347	ROM 114151	DBY	SURINAM	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459346	ROM 114045	DBY	SURINAM	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459315	ROM 107858	DBY	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> Unpublished
* JF459329	ROM 107862	DBY	VENEZUELA	Clare <i>et al.</i> Unpublished

***Números de acceso de las secuencias utilizadas en los análisis concatenados**

****Números de acceso de los haplotipos obtenidos en este estudio**

2. Protocolo de extracción de sal común

- Colocar 3 mm de tejido o de membrana alar en un tubo de 1.5 mL y hacer 3 lavados con agua destilada estéril para retirar los residuos de alcohol.
- Dejar secar durante 30 minutos a 55 °C y 400 rpm en Thermomixer o 10 minutos a ~38° C en el evaporador.
- Agregar 410 ul de Buffer de extracción 4% (TRIS-HCl 1M/ pH 8.0, NaCl 5M, EDTA 0.5M/pH 8.0, agua desionizada), 90 ul de SDS 10% y 15 ul de Proteinasa K (10 mg/mL).
- Homogeneizar la mezcla utilizando el vortex a velocidad alta durante 1 minuto.
- Incubar durante 2 a 3 horas a 55 °C y 300 rpm la muestra de membrana alar, y 12 horas cuando la muestra es de tejido (el tiempo de incubación se puede prolongar hasta por 24 horas).
- Centrifugar a 14000 rpm durante 10 minutos y trasvasar el sobrenadante a un tubo nuevo de 1.5 mL.
- Agregar 60 ul de acetato de sodio 3M y 650 ul de isopropanol 100% a -20 °C. Homogeneizar la mezcla invirtiendo el tubo cuidadosamente.
- Incubar durante 2 horas a -20 °C (el tiempo de incubación se puede prolongar hasta por 24 horas para mejores resultados).
- Centrifugar a 14000 rpm durante 10 minutos y desechar el sobrenadante (tener cuidado de no desechar el pellet).
- Agregar 200 ul de etanol 80% a -20 °C y mezclar invirtiendo el tubo varias veces e incubar durante 30 minutos a -20 °C.
- Centrifugar a 14000 rpm durante 5 minutos y desechar el sobrenadante teniendo cuidado de no desechar el pellet.
- Secar el pellet en el evaporador a ~38 °C durante 15 minutos, o en thermomixer a 300 rpm durante 60 minutos.
- Resuspender el pellet en 60 ul de agua ultrapura inyectable, e incubar en el Thermomixer a 55 °C durante 10 minutos para que se disuelva el pellet.
- Almacenar el ADN en solución a 4 °C durante dos o semanas, o a -20 °C por más tiempo.

3. Protocolo de purificación con Sephadex

- Armar la columna Centri-Sep y agregar 700 ul de Sephadex a temperatura ambiente.
- Esperar a que se separen las fases y retirar la tapa inferior de la columna.
- Pasar la columna a un tubo colector y esperar a que el Sephadex solidifique.
- Tirar el agua que drene la columna y centrifugar a 2700 rpm durante 3 minutos.
- Pasar la columna a un tubo de 1.5 mL previamente etiquetado.
- Vaciar 20 ul de producto de PCR en la columna correspondiente (si no se tienen 20 ul de producto de PCR, agregar el faltante de agua ultrapura inyectable y mezclar pipetando) y centrifugar a 2700 rpm durante 3 minutos.
- Desechar los residuos de Sephadex de la columna y almacenar el producto de PCR purificado a -20 °C.

4. Sitios variables en los haplotipos de los genes COI y DBY

Gen=COI; Codón de inicio=1; Nsec=55; Nsitios=610; Sitios Idénticos=. Datos perdidos=? Indel=-
 Total de sitios conservados incluyendo a los grupos externos: 394
 Total de sitios variables incluyendo a los grupos externos: 216
 Total de sitios conservados sin incluir a los grupos externos: 472
 Total de sitios variables sin incluir a los grupos externos: 138

	AGT	AGG	CAC	TGC	ACT	AAG	TCT	CCT	TAT	TCG	TGC	AGA	ACT	TGG	CCA	ACC	TGG	AGC	CCT	ATT	AGG	TGA	TGA	TCA	AAT	CTA	
#Aj																											[78]
#Pg	...	T..	T..	...	C..	T..	...	A..	...	C..	A..	...	G..	A..	G..	G..	C..	G..	...	C..	G..	...	[78]
#Pp	A..	C..	C..	C..	T.	G..	T..	G..	A..	T..	T..	G..	C..	G..	T..	[78]
#H1	...	T..	...	C..	C..	C..	A..	C..	C..	C..	G..	A..	G..	G..	...	G..C.	...	C..	...	C..	[78]
#H2	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H3	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H4	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..T	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H5	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	A..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]
#H6	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H7	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H8	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H9	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H10	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H11	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H12	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H13	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H14	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H15	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H16	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H17	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H18	T..	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	A..	G..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]
#H19	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	A..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]
#H20	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H21	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	G..	G..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]
#H22	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H23	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H24	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	A..	A..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H25	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	A..	G..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]
#H26	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	A..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]
#H27	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H28	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	G..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H29	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	G..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H30	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	G..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H31	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	G..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H32	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	G..	G..	C..	...	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H33	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	C..	...	G..	A..	G..	T..	.C.	...	C..	...	C..	[78]
#H34	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	A..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]
#H35	C..	C..	C..	C..	...	A..	C..	C..	G..	A..C.	...	C..	...	C..	G..	...	[78]

#H12	A.. A.. ... T.. T.. A.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... T.. ...	[312]
#H13	A.. A.. ... T.. T.. A.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... T.. ...	[312]
#H14	A.. A.. ... T.. T.. CC. .T. A.. C.. ... G.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. T.. C.. ... T.. T.. ... C.. ...	[312]
#H15	A.. A.. ... T.. T.. .C. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H16	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H17	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H18	G.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H19	A.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H20	A.. A.. ... T.. T.. AC. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... T.. ...	[312]
#H21	G.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H22	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H23	A.. A.. ... T.. T.. CC. G.. A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H24	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H25	G.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H26	A.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H27	A.. A.. ... T.. T.. A.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... T.. ...	[312]
#H28	A.. A.. ... T.. T.. CC. .T. A.. C.. ... G.T ... A.. ... C.. A.C A.. T.. T.. C.. ... T.. T.. ... C.. ...	[312]
#H29	A.. A.. ... T.. T.. CC. .T. A.. C.. ... G.T ... A.. ... C.. A.C A.. T.. T.. C.. ... T.. T.. ... C.. ...	[312]
#H30	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... G.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. T.. C.. ... T.. T.. ... C.. ...	[312]
#H31	A.. A.. ... T.. T.. CC. .T. A.. C.. ... G.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. T.. C.. ... T.. T.. ... C.. ...	[312]
#H32	A.. A.. ... T.. T.. CC. .T. A.. C.. ... G.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. T.. C.. ... T.. T.. ... C.. ...	[312]
#H33	A.. A.. ... T.. T.. A.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... T.. ...	[312]
#H34	A.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T .A. C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H35	A.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H36	A.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H37	A.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H38	A.. A.. ... T.. T.. A.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... T.. ...	[312]
#H39	A.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H40	G.. A.. T.. T.. T.. C.. ... A.. C.. ... A.T C.. G.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H41	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H42	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H43	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H44	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H45	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H46	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H47	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. C.. ... C.. ...	[312]
#H48	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H49	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H50	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H51	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#H52	A.. A.. ... T.. T.. CC. ... A.. C.. ... A.T ... A.. G.. C.. A.C A.. T.. C.. C.. ... T.. T.. ... C.. .T.	[312]
#Aj	AGC CGG AAA TCT AGC ACA TGC CGG AGC TTC AGT TGA CCT GGC TAT TTT CTC TCT TCA CCT AGC CGG AGT ATC ATC AAT	[390]
#Pg	... A.. C.. C.. ... C.. T.. C.. TT. AA. C.. A.. G.. ... C.. ...	[390]
#Pp	... A.. C.. C.. ... C.. G.. C.. T.. ... TT. AA. C.. C.. A.. .T. G.. T.. ... T.. ...	[390]
#H1	... A.. G.. C.. ... C.. C.. ... T.. .A. C.. G.. ... A.. ... C.. ...	[390]
#H2	... A.. G.. C.. ... C.. C.. T.. T.. ... AA. C.. A.. T.. ... G.. G.. ... C.. ...	[390]
#H3	G.. G.. ... CT. ... C.. ... T.. T.. ... AA. C.. A.. T.. ... A.. ... C.. G..	[390]


```

#H52      ... A.. G.. C.. ... C.. C.. T.. ... .. T.. ... .. AA. C.. ... .. A.. T.. ... A.. G.. ... C.. ... [390]

#Aj      CCT CGG ACG TAT TAA TTT TAT CGC TAC AAT TAT TAA TAT AAA ACC ACC TGC CCT CTC TCA ATA TCA AAC ACC TTT ATT [468]
#Pg      ... A.. TGC ... C.. C.. ... TA. C.. ... C.. C.. ... G.. ... .. T.. T.. ... .. AC. G.. [468]
#Pp      TT. A.. TGC C.. ... C.. ... TA. A.. ... .. C.. ... .. C.. T.. A.. ... .. C.. ... .. C.. ... [468]
#H1      ... G.. TGC ... C.. C.. C.. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. T.. A.. ... A.. C.. ... .. CC. ... [468]
#H2      .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... G.. ... G.. ... G.. CC. ... [468]
#H3      TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H4      TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H5      TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H6      TT. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H7      .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. C.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H8      .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H9      .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H10     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H11     TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. A.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H12     TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H13     TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H14     .T. A.. TGC C.. ... C.. C.. TA. C.. ... .. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H15     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... G.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H16     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... G.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H17     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... G.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H18     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H19     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H20     TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H21     TT. A.. CGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. G.. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H22     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H23     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H24     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H25     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. G.. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H26     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H27     TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H28     .T. A.. TGC C.. ... C.. C.. .A. C.. ... .. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... .. .. CC. ... [468]
#H29     .T. A.. TGC C.. ... C.. C.. .A. C.. ... .. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... .. .. CC. ... [468]
#H30     .T. A.. TGC C.. ... C.. C.. .A. C.. ... .. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... .. .. CC. ... [468]
#H31     .T. A.. TGC C.. ... C.. C.. TA. C.. ... .. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... .. .. CC. ... [468]
#H32     .T. A.. TGC C.. ... C.. C.. TA. C.. ... .. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... .. .. CC. ... [468]
#H33     TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H34     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H35     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H36     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H37     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H38     TT. A.. TGC ... .. .. .A. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. .T. G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H39     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .. [468]
#H40     TT. A.. TGC ... .. .. C.. TA. C.. ... C.. ... C.. ... .. C.. A.. ... G.. C.. ... .. G.. ... .C. ... [468]
#H41     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H42     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. CC. ... [468]
#H43     .T. A.. TGC C.. ... .. C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... .. C.. A.. ... A.. ... G.. ... .. G.. C.. ... [468]

```

#H44 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G.. ... G.. CC. ... [468]
 #H45 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G..C. C.. [468]
 #H46 .T. A.. TGC C.. C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G..C. C.. [468]
 #H47 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G..C. C.. [468]
 #H48 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G.. ... G.. CC. ... [468]
 #H49 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G.. ... G.. CC. ... [468]
 #H50 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... G.. ... G.. ... G.. CC. ... [468]
 #H51 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G.. C.. ... G.. CC. ... [468]
 #H52 .T. A.. TGC C.. ... C.. .A. C.. ... C.. C.. C.. ... C.. A.. ... A.. ... G.. ... G.. CC. ... [468]

#Aj TGT TTG ATC TGT TTT AAT TAC TGC TGT CCT ACT ACT CCT CTC CCT TCC TGT CTT AGC AGC AGG TAT TAC CAT ACT CCT [546]
 #Pg C.. A.. ... C.. A.. C.. G.. GT. G.. G.. A.. C.. AC. ... C.. A.. C.. T.. ... AT. [546]
 #Pp ... C.. ... A.. A.. ... C.. G.. C..T. ... GT. A.. .T. G.. C.. A.. G.. ... T.. ... C.. A.. ... A.. [546]
 #H1 ... A.. ... G.. AC. ... G.. G.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H2 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H3 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H4 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H5 A.. A.. ... A..T. A.. C.. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H6 ... A.. ... A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H7 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H8 ... A.. ... A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H9 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H10 ... A.. ... A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H11 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H12 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H13 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H14 ... A.. ... A.. A.. ... A.. G..T. A.. T.. ... C.. ... TC. ... T.. T.. C.. C.. ... AT. [546]
 #H15 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H16 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... AT. [546]
 #H17 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H18 A.. A.. ... A.. ... T..T. A.. C.. .C. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H19 A.. A.. ... A..T. A.. C.. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H20 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H21 A.. A.. ... A.. ... T..T. A.. C.. .C. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H22 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. .T. A.. T.. ... C..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H23 ... A.. G.. A.. G.. ... A..T. A.. T..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H24 ... A.. G.. A.. A.. ... A..T. .T. A.. T.. ... C..C. ... T.. T.. C.. AT. [546]
 #H25 A.. A.. ... A.. ... T..T. A.. C.. .C. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H26 A.. A.. ... A..T. A.. C.. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H27 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H28 ... A.. ... A.. A.. ... A.. G..T. A.. T.. ... C.. ... TC. ... T.. T.. C.. C.. ... AT. [546]
 #H29 ... A.. ... A.. A.. ... A.. G..T. A.. ... C.. ... TC. ... T.. T.. C.. C.. ... AT. [546]
 #H30 ... A.. ... A.. A.. ... A.. G..T. A.. T.. ... C.. ... TC. ... T.. T.. C.. C.. ... AT. [546]
 #H31 ... A.. ... A.. A.. ... A.. G..T. A.. T.. ... C.. ... TC. ... T.. T.. C.. C.. ... AT. [546]
 #H32 ... A.. ... A.. A.. ... A.. G..T. A.. T.. ... C.. ... TC. ... T.. T.. C.. C.. ... AT. [546]
 #H33 ... A.. ... A.. A.. ... A.. A.. ... T.. ... C.. .C. ... T.. T.. C.. ... T.. ... A.. [546]
 #H34 A.. A.. ... A..T. A.. C.. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
 #H35 A.. A.. ... A..T. A.. C.. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]

#H36 A.. A.. A.. T. A.. C.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
#H37 A.. A.. A.. T. A.. C.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
#H38 ... A.. .. A.. A.. A.. T.. ... T.. ... C.. .C.. T.. T.. ... A.. [546]
#H39 A.. A.. A.. T. A.. C.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
#H40 A.. A.. A.. ... T.. ... T. A.. C.. .C.. T.. C.. C.. T.. ... A.. [546]
#H41 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. T. A.. T.. ... C..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H42 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. T. A.. T.. ... C..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H43 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. T. A.. T.. ... C..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H44 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H45 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T.. ... C.. ... TC.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H46 ... A.. G.. A.. A.. A.. ... T.. ... T. A.. T.. ... C.. ... TC.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H47 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T.. ... C.. ... TC.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H48 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H49 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H50 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H51 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]
#H52 ... A.. G.. A.. A.. A.. T. A.. T..C.. ... T.. T.. C.. AT. [546]

#Aj AAC AGA CCG AAA TCT TAA TAC CAC ATT CTT TGA CCC AGC TGG AGG GGG AGA CCC CAT TTT ATA T [610]
#Pg T.. C.. .T. A.. C.. ... T.. T.. A.. T.. CC.. ... C [610]
#Pp G.. T.. ... T.. C.. A.. ... T.. T.. C.. C.. T.. ... G.. ... T.. .C. G.. . [610]
#H1 ... G.. T.. T.. C.. A.. ... T.. T.. C.. T.. A.. ... T.. T.. .C. G.. . [610]
#H2 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. T.. .C. G.. C [610]
#H3 T.. T.. C.. A.. T.. ... T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H4 T.. T.. C.. A.. T.. ... T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H5 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H6 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H7 G.. G.. T.. T.. C.. A.. ... T.. T.. C.. T.. A.. ... TG. .C. G.. C [610]
#H8 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H9 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H10 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H11 T.. T.. C.. A.. T.. ... T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H12 T.. T.. C.. A.. T.. ... T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H13 ... G.. T.. T.. C.. A.. T.. ... T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H14 ... G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A..C. G.. C [610]
#H15 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H16 G.. ... T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H17 G.. ... T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H18 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H19 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H20 T.. T.. C.. A.. T.. ... T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H21 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H22 G.. ... T.. T.. C.. A.. T.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H23 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. [610]
#H24 G.. ... T.. T.. C.. A.. T.. T.. C.. T.. A.. ... T.. .C. G.. C [610]
#H25 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H26 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. ... A.. .C. ... [610]
#H27 T.. T.. C.. A.. T.. ... T.. A.. ... A.. .C. ... [610]

#H28 ... G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A..C. G.. C [610]
 #H29 ... G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A..C. G.. C [610]
 #H30 ... G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A..C. G.. C [610]
 #H31 ... G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A..C. G.. C [610]
 #H32 ... G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A..C. G.. C [610]
 #H33 T.. T.. C.. A.. T.. .. T.. A.. A.. .C. [610]
 #H34 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. A.. .C. [610]
 #H35 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. A.. .C. [610]
 #H36 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. A.. .C. [610]
 #H37 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. A.. .C. [610]
 #H38 T.. T.. C.. A.. T.. .. T.. A.. A.. .C. [610]
 #H39 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. ... N.. A.. .C. [610]
 #H40 ... G.. T.. T.. C.. A.. C.. T.. C.. T.. A.. A.. .C. [610]
 #H41 G.. .. T.. T.. C.. A.. T.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H42 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H43 G.. .. T.. T.. C.. A.. T.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H44 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H45 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H46 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H47 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H48 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H49 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H50 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H51 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]
 #H52 G.. G.. T.. T.. C.. A.. T.. C.. T.. A.. T.. .C. G.. C [610]

Gen=DBY; Codón de inicio=1; Nsec=8; Nsitios=438; Sitios Idénticos=. Datos perdidos=? Indel=-
 Total de sitios conservados incluyendo a los grupos externos: 126
 Total de sitios variables incluyendo a los grupos externos: 276
 Total de sitios conservados sin incluir a los grupos externos: 374
 Total de sitios variables sin incluir a los grupos externos: 12

#Ca	GAC TCC CGC ATG CAC CCG ACC GG- -GA TCC CAC CCG GCG TGC CCA CCA GGG GGC GAT GCT CTG CCC ACT CCA GGG CTC	[78]
#Ph	CTT .TT TAT TA. G.A AT. TTT T.A AA. .A. .TG TTT .A CCT TT. T.C .TA A.. TG. .AC AGA TAT .T- --- --- T.A	[78]
#Ub	CTT .TT TCT TA. NNN NN. NTT T.A AA. .A. .TG TTT .A CAT TT. TTC .TA .NN NNN NNN NGA TAT .TC AT. CT- T.A	[78]
#H1	CTT ..T TA- -G. A.A GG. TT. T.T AA. .A. .TG TT. AT. CCT TTC T.T CTA AA. C.. AAC -AA TA. CT. GT- --- T.A	[78]
#H2	CTT ..T TA- -G. A.A GG. TT. T.T AA. .A. .TG TT. AT. CCT TTC T.T CTA AA. C.. AAC -AA TA. CT. AT- --- T.A	[78]
#H3	CTT ..T TA- -G. T.A GG. TT. T.T AA. .A. .TG TT. AT. CCT TTC T.T CTA AA. C.. AAC -AA TA. CT. AT- --- T.A	[78]
#H4	CTT ..T TA- -G. A.A GG. TT. T.T AA. .A. .TG TT. AT. ACT TTC T.T CTA AA. C.. AAC -AA TA. CT. GT- --- T.A	[78]
#H5	CTT ..T TA- -G. A.A GG. TT. T.T AA. .A. .TG TT. AT. CCT TTC T.T CTA AA. C.. AAC -AA TA. CT. GT- --- T.A	[78]
#Ca	AGT TCC TCC ACA TTG GGG AAC CAT TCC AGT GCC TAA GGA TGA GGC ACA AAG CCA TCC -TC AGC GCC CGG GCC AAC TCT	[156]
#Ph	CA. .T. .GTT TTT T.A --. GTT .T. T.T .-- ---A. .A. G.A A.. .A A.T T.T T-- -AT A.T T.T .TA	[156]
#Ub	NA. .T. .GTT TTT N.A --. GTT .T. T.T .-- ---A. .A. G.A A.. .A A.T T.T T-- -CT A.T T.T .TA	[156]
#H1	CA.GT .A. .AT CTT .A -A .TT .T. .T.T .-- ---A. G-- G.A AT. C.A A.T T.T TGT TCT A.T T.T .TA	[156]
#H2	CA.GT .A. .AT CTT .A -A .TT .T. .T.T .-- ---A. G-- G.A AT. C.A A.T T.T TGT TCT A.T T.T .TA	[156]
#H3	CA.GT .A. .AT CTT .A -A .TT .T. .T.T .-- ---A. G-- G.A AT. C.A A.T T.T TGT TCT A.T T.T .TA	[156]
#H4	CA.GT .A. .AT CTT .A -A .TT .T. .T.T .-- ---A. G-- G.A AT. .A A.T T.T TGT TCT A.T T.T .TA	[156]
#H5	CA.GT .A. .AT CTT .A -A .TT .T. .T.T .-- --- ... NA. G-- G.A AT. C.A A.T T.T TGT TNN TNN T.T .TA	[156]
#Ca	TGC TCC AAT GGA GCC TTT GGC TGC AGA AGG GGA AGA GAG AGA CAG AGA AAA AAG AGG GGG AGG GGT GGA GAA GCA GAG	[234]
#Ph	CA. A.T CC. T.. TTA C.. -T .AT .TG TAC CTT GAT AG. GA. TT. .AC TT. C.A CCT CA. T.T ATC T.G A.G A.. .--	[234]
#Ub	... A.T CC. T.. TTA C.. -T .A. .TG TAC CTT GAT .G. GA. TT. .AC TT. C.. CCT C.. T.T ATC T.G A.G A.. .--	[234]
#H1	... AGT C.. T.. TTG A.. C-T .AT .TG T.C CTC .AC C.. G.. TCA .AC CT. C.A CCT A.. T.T ATC T.G A.G A.. AG-	[234]
#H2	... AGT C.. T.. TTG A.. C-T .AT .TG T.C CTC .AC C.. G.. TCA .AC CT. C.A CCT A.. T.T ATC T.G A.G A.. AG-	[234]
#H3	... AGT C.. T.. TTG A.. C-T .AT .TG T.C CTC .AC C.. G.. TCA .AC CT. C.A CCT A.. T.T ATC T.G A.G A.. AG-	[234]
#H4	... AGT C.. T.. TTG A.. C-T .AT .T. T.C CTC .AC T.. G.. TCA .AC CT. C.A CCT A.. T.T ATC T-- --- --. .G-	[234]
#H5	... AGT C.. T.. TTG A.. C-T .AT .TG T.C CTC .AC C.. G.. TCA .AC CT. C.A CCT A.. T.T ATC T.G A.G A.. AG-	[234]
#Ca	AGG CGC TTC TCC TAT GTG CCT TGG CCG GGA ATC GAA TCC GGG TCC TCC CGC ACG CCA GGC CCG ACG CTC TAC CGC TGA	[312]
#Ph	--- --- -.T ATG C.C A.. ATC .AC .T. --- .C. AG. G.T .TA CAT .TT .TT --- TTC A-- TT. TTT ... C.G T.A .A.	[312]
#Ub	--- --- -.T ATG C.C A.. A.C .AC .T. --- .C. AG. G.T .TA .AT .TT .TT --- TTC A-- TT. TTTG T.A .A.	[312]
#H1	--- --T C.T AT. C.A T.. AGC .AC .TT --- .C. AG. G.T .TA CAT .TT .TT --- TTC ACA TTA TTT ... CNA T.. NA.	[312]
#H2	--- --T C.T AT. C.A T.. AGC .AC .TT --- .C. AG. G.T .TA CAT .TT .TT --- TTC ACA TTA TTT ... C.A T.. .A.	[312]
#H3	--- --T C.T AT. C.A T.. AGC .AC .TT --- .C. AG. G.T .TA CAT .TT .TT --- TTC ACA TTA TTT ... C.A T.. .A.	[312]
#H4	--- --T --- --- --A T.. AGC .AC .TT --- CC. AG. G.T .TA CAT .TT .TT --- TTC NCA TTA TTT ... C.A T.. .A.	[312]
#H5	--- --T C.T AT. C.A T.. AGC .AC .TT --- .C. AG. G.T .TA CAT .TT .TT --- TTC ACA TTA TTT ... C.A T.. .A.	[312]
#Ca	GCC AAC CGG CCA GGG CCG GAA TCA TTT TTC TTA ATG GAA TTC TTT GTT AGA CTT TTC AAA AGA TTA GAA GTT TGA TGT	[390]
#Ph	--- --- --- .TT .TA TTT .T. .-T .A -- --. .A CAA AGG GAG T.. .T TT- --GG. C.. .TT GAA	[390]
#Ub	--- --- --- .TT .TA TTT .T. .-T .A -- --. .A CAA AGG GAG T.. CCT TN TNGG. C.. .TT GAA	[390]
#H1	--- --- --- .TT TT- TTT .G. .-T .AA -- --. --- --AA .GG .G T.. .T CC- -NC C.. .G. C.. C-- -AA	[390]

```

#H2  --- --- --- .TT TT- TTT .G. .-. .AA ... .. .-- --. --- -AA .GG ..G T.. ..T CC- -AC C.. .G. C.. C-- -AA [390]
#H3  --- --- --- .TT TT- TTT .G. .-. .AA ... .. .-- --. --- -AA .GG ..G T.. ..T CC- -AC C.. .G. C.. C-- -AA [390]
#H4  --- --- --- .TT TT- TTT .G. .-. .AA ... .. .-- --. --- -AA .GG ..G T.. ..T CC- -AC C.. .G. C.. C-- -AA [390]
#H5  --- --- --- .TT TT- TTT .G. .-. .AA ... .. .-- --. --- -AA .GG ..G T.. N.T CC- -AC C.. .G. C.. C-- -AA [390]

#Ca  CTT TGA GTT TAA TTT ATG AAG TGT GAA TG- ACT TAT AAA TTG TGC TTA [438]
#Ph  AGA AT. AAA A.G ... TA. GTA .T. A.. ..T .AC ... .. [438]
#Ub  AGA AT. AAA A.G ... TA. GTA .TC A.. ..T .AC ... .. [438]
#H1  GGG G.. .GG C.G ..A .AC GTA .T. ... .AT .A. ... .. [438]
#H2  GGG G.. .GG C.G ..A .AC GTA .T. ... .AT .A. ... .. [438]
#H3  GGG G.. .GG C.G ..A .AC GTA .T. ... .AT .A. ... .. [438]
#H4  GGG G.. AGG C.G ..A .AC .TA .T. ... .AT .A. ... ..G ... .A. ... [438]
#H5  GGG G.. .GG C.G N.N .AN NNN NNN N.. .AT .A. ... .. [438]

```


5. Haplotipos obtenidos con los genes COI y DBY

Haplotipo	Secuencia de referencia	Correspondencia geográfica	Frecuencia	Gen
1	KF636820	Jamaica	1	COI
2	JF499030	Belice, México, Guatemala, El Salvador	21	COI
3	JF448258	Guyana, Brasil, Surinam	134	COI
4	JF448215	Guyana	1	COI
5	JF448217	Guyana, Surinam	108	COI
6	JF448362	Guatemala, El Salvador	2	COI
7	JF448278	Guatemala	1	COI
8	JF448277	Guatemala, El Salvador, México	7	COI
9	JF448359	Guatemala, El Salvador, México	11	COI
10	JF448356	Guatemala	1	COI
11	JF448236	Guyana, Surinam	8	COI
12	JF448222	Guyana	3	COI
13	JF448248	Guyana	3	COI
14	JF448255	Guyana, Venezuela	11	COI
15	JF448353	El Salvador	1	COI
16	JF448354	El Salvador	2	COI
17	JF448355	El Salvador	4	COI
18	JF448376	Guyana, Surinam	29	COI
19	JF448380	Guyana, Surinam	10	COI
20	JF448384	Guyana	1	COI
21	JF448385	Guyana	6	COI
22	JF448119	Panamá	9	COI
23	JF448261	Panamá	1	COI
24	JF448341	Panamá	1	COI
25	JF448410	Guyana, Surinam	14	COI
26	JF448308	Guyana	4	COI
27	JF448314	Guyana	3	COI
28	JF44834	Venezuela	3	COI
29	JF448345	Venezuela	2	COI
30	JF448120	Venezuela	4	COI
31	JF448347	Venezuela	2	COI
32	JF448283	Venezuela	1	COI
33	EF080593	Guyana	1	COI
34	JF448197	Guyana	1	COI
35	JF448199	Guyana, Surinam	4	COI
36	JF448399	Surinam	1	COI
37	JQ601412	Surinam	1	COI
38	JF459250	Guyana	1	COI
39	JQ601193	Surinam	1	COI
40	JQ601204	Surinam	2	COI
41	KT257096	México	1	COI
42	KT257097	México	1	COI
43	KT257098	México	1	COI
44	KT257099	México	5	COI
45	KT257100	México	14	COI

46	KT257101	México	2	COI
47	KT257102	México	1	COI
48	KT257103	México	1	COI
49	KT257104	México	1	COI
50	KT257105	México	1	COI
51	KT257106	México	1	COI
52	KT257107	México	2	COI
1	JF459308	Guyana, Surinam	33	DBY
2	JF459294	Guyana, Surinam	19	DBY
3	JF459360	Guyana	1	DBY
4	KT257108	México, Guatemala, El Salvador, Panamá, Venezuela, Guyana, Brasil	62	DBY
5	JF459338	Guyana	1	DBY

6. Distribución geográfica de los haplotipos obtenidos con el gen COI

Haplotipo	N	Localidades	Número de localidad de acuerdo con la Tabla 1.
1	1	Saint Andrew, Jamaica	10
2	21	Pachuquilla, Veracruz, México; Pedro A Santos, Q. Roo, México; Escárcega, Campeche, México; El Naranjo, Petén, Guatemala; Lamanai, Orange Walk, Belice; Macuspana, Tabasco, México; Tikal, Peten, Guatemala; El Remate, Peten, Guatemala; Ayaquezco, Oaxaca, México; La Trinitaria, Chiapas, México; Parque Nacional Montecristo, El Salvador.	5, 7, 8, 11, 12, 13, 14, 16, 17, 19, 21
3	134	Demerara-Mahaica, Guyana; Islas del Essequibo-Demerara, Guyana; Mapenna river, East Berbice-Corentyne, Guyana; Corentyne river, East Berbice-Corentyne, Guyana; Upper Demerara- Berbice, Guyana; West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana; Brokopondo, Surinam; Sipaliwini, Surinam; Siparuni River, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Sipaliwini, Surinam; Iwokrama field Station, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Kabuballi Landing, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama forest, Potaro-Siparuni, Guyana; Upper Takutu-Upper Esequibo, Surama, Guyana; Annahi, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Rupununi River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Tafelberg, Base Camp, Surinam; Upper Takutu-Upper Esequibo, Karanambo, Guyana; Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Sipaliwini Village, Sipaliwini, Surinam; Esequibo River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Kamo River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Chodikar River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Caverna do Bigode, Goiás, Brasil	32, 33, 37, 40, 42, 44, 46, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 63, 64, 65, 66, 67, 69, 70, 73, 74, 77, 80, 81, 82, 83
4	1	Rupununi River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	67
5	108	Mount Ayaganna, Potaro-Siparuni-Guyana; Potaro River, Potaro-Siparuni, Guyana; Corentyne river, East Berbice-Corentyne, Guyana; Kaieteur National Park, Potaro-Suparuni, Guyana; Upper Demerara- Berbice, Guyana; West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana; Brokopondo, Surinam; Sipaliwini, Surinam; Siparuni River, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama field Station, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Forest, Potaro-Siparuni, Guyana; Kabuballi Landing, Potaro-Siparuni, Guyana; Upper Takutu-Upper Esequibo, Surama, Guyana; Tafelberg, Caiman Creek Camp, Surinam; Tafelberg, Base Camp, Surinam; Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Sipaliwini River, Sipaliwini, Surinam; Kutari River, Surinam; Kamo River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Chodikar River	38, 39, 40, 41, 42, 44, 45, 47, 48, 49, 50, 52, 53, 54, 55, 57, 58, 59, 60, 61, 63, 64, 65, 68, 69, 71, 73, 75, 76, 78, 81, 82,
6	2	El Progreso, Guatemala	20
7	1	Poptún, Peten, Guatemala	18
8	7	El Naranjo, Petén, Guatemala; Macuspana, Tabasco, México;	11, 13, 14, 18, 21,

		Tikal, Peten, Guatemala; Poptún, Peten, Guatemala; Parque Nacional Montecristo, El Salvador	
9	11	Pachuquilla, Veracruz, México; Piaxtla, Puebla, México; El Naranjo, Petén, Guatemala; Macuspana, Tabasco, México; Ayaquezco, Oaxaca, México; La Trinitaria, Chiapas, México; Parque Nacional Montecristo, El Salvador	5, 9, 11, 13, 17, 19, 21,
10	1	El Remate, Peten, Guatemala	16
11	8	Islas del Essequibo-Demerara, Guyana; Corentyne river, East Berbice-Corentyne, Guyana; West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Sipaliwini, Surinam	33, 40, 44, 53, 54, 58
12	3	Corentyne river, East Berbice-Corentyne, Guyana	40
13	3	Demerara-Mahaica, Guyana; Islas del Essequibo-Demerara, Guyana; Corentyne river, East Berbice-Corentyne, Guyana	32, 33, 40
14	11	Barima-Waini, Guyana; Pozon, Venezuela; Mazaruni River, Cuyuni-Mazaruni, Guyana; Namai Creek, Cuyuni-Mazaruni, Guyana	30, 34, 35, 36
15	1	Parque Nacional Montecristo, El Salvador	21
16	2	Parque Nacional Montecristo, El Salvador	21
17	4	Parque Nacional Montecristo, El Salvador	21
18	29	Kaieteur National Park, Potaro-Suparuni, Guyana; Upper Demerara- Berbice, Guyana; Siparuni River, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama field Station, Potaro-Siparuni, Guyana; Sipaliwini, Surinam; Kabuballi Landing, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama forest, Potaro-Siparuni, Guyana; Pobawau Creek Mounth, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Sipaliwini River, Sipaliwini, Surinam; Gunn´s Strip, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	41, 42, 49, 50, 52, 53, 55, 58, 62, 63, 64, 72, 75, 79
19	10	Kaieteur National Park, Potaro-Suparuni, Guyana; Upper Demerara- Berbice, Guyana; Brokopondo, Surinam; Iwokrama field Station, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Sipaliwini, Surinam; Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	41, 42, 46, 52, 53, 54, 58, 59, 71
20	1	Upper Demerara- Berbice, Guyana	42
21	6	Kaieteur National Park, Potaro-Suparuni, Guyana; Upper Demerara- Berbice, Guyana; Siparuni River, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama field Station, Potaro-Siparuni, Guyana; Kabuballi Landing, Potaro-Siparuni, Guyana	41, 42, 49, 50, 52, 63
22	9	Parque Nacional Soberanía, Panamá; Gamboa, Panamá; Ojo de Agua, Chiriquí, Panamá; Parque Nacional Altos de Campana, Panamá; Parque Nacional Darién, Panamá	22, 23, 24, 26, 27
23	1	Santa Clara, Chiriquí, Panamá	25
24	1	Parque Nacional Darién, Panamá	27
25	14	Kaieteur National Park, Potaro-Suparuni, Guyana; West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana; Sipaliwini, Surinam; Siparuni River, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Forest, Potaro-Siparuni, Guyana;	41, 44, 48, 49, 50, 53, 59, 60, 69, 73

		Tafelberg, Base Camp, Surinam; Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	
26	4	West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana; Iwokrama field Station, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama forest, Potaro-Siparuni, Guyana	44, 52, 55, 64
27	3	Mount Wokomung, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana	55
28	3	Pozon, Venezuela	34
29	2	Pozon, Venezuela	31, 34
30	4	Puerto Cabello, Bolívar, Venezuela; Pozon, Venezuela	34
31	2	Pozon, Venezuela	34
32	1	Caicara, Bolívar, Venezuela	28
33	1	Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana	50
34	1	Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	73
35	4	Sipaliwini, Surinam; Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	57, 71, 73
36	1	Brokopondo, Surinam	45
37	1	Tafelberg, Caiman Creek Camp, Surinam	68
38	1	Iwokrama forest, Potaro-Siparuni, Guyana	64
39	1	Kutari River, Surinam	76
40	2	Kutari River, Surinam; Sipaliwini River, Sipaliwini, Surinam	76, 78
41	1	Isla Coiba, Veraguas, Panamá	29
42	1	Isla Coiba, Veraguas, Panamá	29
43	1	Isla Coiba, Veraguas, Panamá	29
44	5	Cd. Victoria, Tamaulipas, México; Cd. Valles, S. L. Potosí, México	2, 4
45	14	Carbó, Sonora, México; Pánuco, Sinaloa, México; Los Ortices, Colima, México; Colotlipa, Guerrero, México	1, 3, 6, 15
46	2	Pánuco, Sinaloa, México	3
47	1	Colotlipa, Guerrero, México	15
48	1	Colotlipa, Guerrero, México	15
49	1	Colotlipa, Guerrero, México	15
50	1	La Trinitaria, Chiapas, México	19
51	1	Ayaquezco, Oaxaca, México	17
52	2	Cd. Victoria, Tamaulipas, México	2

7. Distribución geográfica de los haplotipos obtenidos con el gen DBY

Haplotipo	N	Localidades	Número de localidad de acuerdo con la Tabla 1.
1	33	Demerara-Mahaica, Guyana; Islas del Essequibo-Demerara, Guyana; Upper Demerara- Berbice, Guyana; West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana; Brokopondo, Surinam; Siparuni River, Potaro-Siparuni, Guyana; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Sipaliwini, Surinam; Kabuballi Landing, Potaro-Siparuni, Guyana; Upper Takutu-Upper Esequibo, Surama, Guyana; Annahi, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Rupununi River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana; Upper Takutu-Upper Esequibo, Karanambo, Guyana	32, 33, 42, 44, 46, 49, 50, 56, 63, 65, 66, 67, 70
2	20	Kaieteur National Park, Potaro-Suparuni, Guyana; West Pibiri, Upper Demerara-Berbice, Guyana; Brokopondo, Surinam; Iwokrama Reserve, Potaro-Siparuni, Guyana; Sipaliwini, Surinam; Iwokrama Forest, Potaro-Siparuni, Guyana; Kabuballi Landing, Potaro-Siparuni, Guyana; Upper Takutu-Upper Esequibo, Surama, Guyana; Kamao River, Upper Takutu-Upper Esequibo, Guyana	41, 44, 45, 55, 58, 60, 61, 62, 63, 65, 81
3	1	Iwokrama Forest, Potaro-Siparuni, Guyana	60
4	62	Carbó, Sonora, México; Cd. Victoria, Tamaulipas, México; Pánuco, Sinaloa, México; Cd. Valles, S. L. Potosí, México; Pachuquilla, Veracruz, México; Los Ortices, Colima, México; Pedro A Santos, Q. Roo, México; Piaxtla, Puebla, México; El Naranjo, Petén, Guatemala; Macuspana, Tabasco, México; Tikal, Peten, Guatemala; Colotlipa, Guerrero, México; El Remate, Peten, Guatemala; Ayaquezco, Oaxaca, México; Poptún, Peten, Guatemala; La Trinitaria, Chiapas, México; El Progreso, Guatemala; Parque Nacional Montecristo, El Salvador; Parque Nacional Soberanía, Panamá; Parque Nacional Darién, Panamá; Pozon, Venezuela; Mazaruni River, Cuyuni-Mazaruni, Guyana; Namai Creek, Cuyuni-Mazaruni, Guyana; Caverna do Bigode, Goiás, Brasil	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 11, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 27, 29, 27, 34, 35, 36, 83
5	1	Islas del Essequibo-Demerara, Guyana	33