

# UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

00343

FACULTAD DE CIENCIAS

**DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO** 

FILOGENIA Y LÍMITES ENTRE ESPECIES EN LAS LAGARTIJAS DEL GÉNERO <u>Barisia</u>, (ANGUIDAE) BASADOS EN MORFOLOGIA EXTERNA Y SECUENCIACION DE ADNmt.

# TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE MAESTRO EN CIENCIAS (Biología Animal) PRESENTA ALEJANDRO ZALDIVAR RIVERÓN

DIRECTOR DE TESIS: DR. ADRIAN NIETO MONTES DE OCA



Universidad Nacional Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas Tesis Digitales Restricciones de uso

## DERECHOS RESERVADOS © PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor. Para mi familia, mis padres y hermanos. Muy en especial a mi hermano Rodolfo.

l

Para tí Nadia, con todo mi amor. Porque ésto es sólo comienzo de todos nuestros anhelos compartidos.

A la Muñeca, por alegrarnos la vida.

## ÍNDICE

RESUMEN	1
INTRODUCCIÓN	2
HISTORIA TAXONÓMICA DEL GÉNERO BARISIA	6
OBJETIVOS	8
MÉTODOS	9
DATOS MORFOLÓGICOS	9
DATOS DE MTDNA	
ANÁLISIS FILOGENÉTICO	12
Análisis filogeográfico	21
DESCRIPCIÓN DE CARACTERES MORFOLÓGICOS	22
RESULTADOS	32
ANÁLISIS MORFOLÓGICO	32
DIVERGENCIA GENÉTICA	34
Análisis de mtDNA	35
Congruencia taxonómica	38
DATOS COMBINADOS	38
LÍMITES ENTRE ESPECIES	41
IMPLICACIONES FILOGEOGRÁFICAS	45
DISCUSIÓN	50
Análisis morfológico	50
Análisis de mtDNA	52
Análisis combinado	53
IMPLICACIONES TAXONÓMICAS	54
IMPLICACIONES FILOGEOGRÁFICAS	55
CONCLUSIONES	58
LITERATURA CITADA	60
APÉNDICES	67

#### RESUMEN

Se investigaron las relaciones filogenéticas entre las diferentes formas de lagartijas que integran el género Barisia con el fin de aportar evidencia que ayudara a la delimitación de sus especies. Para este estudio se empleó un total de 16 caracteres de morfología externa, así como aproximadamente 894 pares de bases de los genes mitocondriales ND4 y tRNA hist, ser, leu. Como taxones terminales se incluyeron tanto a las especies y subespecies reconocidas de Barisia como varias poblaciones de las subespecies B. imbricata imbricata y B. i. ciliaris. Para B. levicollis y un conjunto poblacional de B. i. ciliaris no se contó con información de mtDNA. Primero se realizaron análisis separados con cada conjunto de datos y después un análisis de evidencia total. El árbol morfológico se obtuvo evaluando previamente el desempeño de cinco diferentes métodos de codificación de polimorfismos, resultando el método binario de frecuencias el más adecuado. El análisis de mtDNA se ejecutó con el método de máxima verosimilitud, empleando un modelo de evolución de secuencias de nucleótidos elegido antes mediante un procedimiento objetivo. El árbol combinado usando el método de máxima parsimonia se tomó como la mejor aproximación filogenética, pero considerando como no resueltos sus nodos pobremente apoyados y cuyas relaciones entre los taxones que los integran estuvieran en conflicto y fuertemente apoyadas por valores de BTP y PTP en los árboles separados. El análisis combinado resultó en un solo árbol totalmente resuelto, que fue usado junto con la evidencia geográfica y el diagnóstico morfológico y de mtDNA de los taxones examinados para definir los límites entre especies dentro del género. Las relaciones entre los diferentes taxones incluidos son congruentes con su distribución geográfica pero no así con su taxonomía actual. La monofilia de Barisia está fuertemente apoyada, siendo el clado Abronia + Mesaspis su grupo hermano. La especie B. imbricata aparece polifilética, estando conformada por al menos cinco especies evolutívas, sus cuatro subespecies reconocidas y la población de B. i. imbricata procedente de Manantlán, Jalisco, la cual está más relacionada con B. i. jonesi. La población sureña de B. i. ciliaris aparece en un clado separado con respecto a las restantes poblaciones de esta subsepecie, aunque esta relación permanece como cuestionable. Barisia rudicollis y la especie no descrita son especies hermanas y comparten varias homoplasias morfológicas con el género Abronia. Las discontinuidades filogeográficas presentes entre las especies del género Barisia pueden ser explicadas a partir de la hipótesis que sugiere diversos eventos de expansión/contracción de los bosques templados de norteamérica ocurridos del Eoceno tardío al Pleistoceno.

## **INTRODUCCIÓN**

El género Barisia comprende un grupo de lagartijas endémicas de México representadas actualmente por las especies B. levicollis, B. rudicollis, y la politípica B. imbricata, la cual cuenta con cuatro subespecies descritas: B. i. imbricata, B. i. ciliaris, B. i. jonesi y B. i. planifrons (Guillette y Smith, 1982; Good, 1988a). Además, recientemente se ha hecho evidente la existencia de una especie adicional no descrita (Zaldívar-Riverón, 1998; Zaldívar-Riverón y Nieto-Montes de Oca, en prep.). Las diferentes formas del género Barisia habitan en diversas zonas templadas del norte y centro de México (Figura 1), siendo B. i. imbricata y B. i. ciliaris los taxones con distribución más amplia. Barisia i. *imbricata* ocurre a lo ancho de la franja que conforma el Eje Neovolcánico Transversal, desde Jalisco hasta Veracruz; mientras que B. i. ciliaris habita desde Chihuahua y norte de Durango en el norte, hasta el norte de Hidalgo y noreste de Querétaro en el sur (Tihen, 1949a; Guillette y Smith, 1982). Por otra parte, la distribución de las formas restantes es mucho más restringida. Barisia i. planifrons habita en algunas zonas del centro y sur de Oaxaca; B. i. jonesi en la Sierra de Coalcomán, en el oeste de Michoacán; y B. levicollis en la porción de la Sierra Madre Occidental, en el oeste de Chihuahua (Guillette y Smith, 1982). Por último, B. rudicollis y la especie no descrita habitan en algunos bosques mesófilos de la parte central del Eje Neovolcánico Transversal (Zaldívar-Riverón, 1998; Zaldívar-Riverón y Nieto-Montes de Oca, en prep.).

A pesar de que se han realizado diversos estudios taxonomicos para el género Barisia los límites entre sus especies resultan aún inciertos, particularmente dentro del complejo B. imbricata, que incluye a las subespecies de B. imbricata y a B. levicollis (Guillette y Smith, 1982). Mientras tanto, a la fecha se sigue aplicando una decisión conservadora al mantener la categoría taxonómica con que fueron descritas las diferentes formas de éste género, a pesar de que B. levicollis parece no ser morfológicamente más diferente de B. imbricata de lo que las subespecies de B. imbricata lo son entre ellas (Good, 1988a). Los principales problemas que han impedido solucionar el problema antes citado son la escasa información obtenida de la morfología externa, el conocimiento incompleto de la distribución geográfica de los taxones involucrados, y la falta de aplicación de un criterio objetivo para la delimitación de sus especies.



Figura 1. Mapa de distribución de las especies del género Barisia (tomado de Good, 1988a).

Por otra parte, es posible que *B. i. imbricata* y *B. i. ciliaris* representen taxones compuestos ya que ambas subespecies, además de tener una distribución muy amplia, incluyen varias poblaciones alopátricas. En *B. i. imbricata* se ha registrado variación morfológica atípica en especímenes provenientes del estado de Veracruz (Tihen, 1949a), áreas circunvecinas al Distrito Federal (Guillette y Smith, 1982) y en la región de Manantlán, en el estado de Jalisco (Flores-Villela, com. pers.). Con respecto a *B. i. ciliaris*, los escasos estudios taxonómicos realizados con este taxón sólo han incluido especímenes provenientes de la parte norte de su área de distribución (p. ej., Tihen, 1949a; Guillette y Smith, 1982), por lo que a la fecha no se conoce debidamente su variación geográfica.

Una de las principales tareas dentro del campo de la sistemática es el descubrimiento y descripción de especies, las cuales son las unidades fundamentales tanto de esta disciplina como de los estudios ecológicos y evolutivos (Wiens y Servedio, 2000). El reconocimiento de especies tradicionalmente se ha basado en las diferencias morfológicas presentes entre los organismos mediante la comparación de la distribución de sus caracteres. No obstante, en aquellos grupos cercanamente relacionados con morfología conservada dicho reconocimiento resulta problemático. Debido a lo anterior, durante los últimos años se ha recurrido de manera alternativa al uso de filogenias de haplotipos mediante la técnica de secuenciación de DNA para poder inferir límites entre especies (p. ej., Avise y Ball, 1990; Brower, 1999). Mediante estos estudios es posible descubrir las especies evolutivas (*sensu* Wiley, 1981; Frost y Hillis, 1990) que pudieran estar contenidas dentro de especies politípicas, ya que el árbol obtenido puede mostrar si sus poblaciones integran o no un grupo monofilético.

Durante las últimas dos décadas, los estudios taxonómicos se han beneficiado significativamente a partir del surgimiento de diferentes métodos bioquímicos, los cuales permiten obtener en poco tiempo una gran cantidad de caracteres libres de variación no heredable a partir de pequeños tamaños de muestra (Hillis, 1987; Baverstock y Moritz, 1996; Palumbi, 1996). De los diferentes métodos bioquímicos, el empleo de la técnica de secuenciación de ácidos nucleicos como herramienta en sistemática se ha incrementado considerablemente en años recientes en comparación con los demás tipos de técnicas moleculares (Hillis y Moritz, 1996). Esto último se debe principalmente al desarrollo de la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la cual permite una rápida amplificación *in vitro* de un fragmento genético específico a partir de pequeñas cantidades de DNA genómico (Avise, 1994; Palumbi, 1996). De todo el genoma, el DNA mitocondrial (mtDNA) ha sido ampliamente usado para realizar estudios filogenéticos de organismos cercanamente relacionados ya

que puede reflejar el pasado en una forma diferente de la mayoría de los genes nucleares por su modo de herencia materno y no recombinante, su rápida evolución y mínima variación en longitud en sus secuencias de nucleótidos, y su extenso polimorfismo intraespecífico, que generalmente ocurre entre y no dentro de los individuos (Li, 1997; Avise, 2000). Los datos obtenidos de las secuencias de mtDNA suelen proveer de múltiples haplotipos que pueden ser ordenados filogenéticamente dentro de una especie, considerando que todos los individuos conespecíficos están relacionados genealógicamente a través de un extendido linaje (Avise, 1994).

Por otro lado, a partir de la investigación de relaciones filogenéticas es también posible hacer inferencias concernientes a diversos aspectos de la biología de los organismos, tales como la evolución de alguna característica particular de su historia de vida (p. ej., evolución de la viviparidad, dicromatismo sexual o de algún rasgo conductual). En el caso de la reconstrucción de filogenias intraespecíficas o de especies cercanamente relacionadas también se pueden realizar inferencias filogeográficas, esto es, interpretar la cantidad y modo por el cual los procesos históricos en la demografía de las poblaciones han dejado huella en la distribución geográfica contemporánea de las características genéticas de los organismos (Avise, 2000). Aunque teóricamente la distribución espacial de cualquier característica con base genética (ya sea morfológica, molecular, o cualquier otra) puede servir en los estudios filogeográficos, los análisis con linajes de genes predominan fuertemente sobre los demás tipos de datos debido a su gran poder resolutivo (Avise, 2000).

La finalidad del presente estudio fue examinar la variación de dos diferentes conjuntos de datos, morfología externa y secuenciación del gen mitocondrial ND4 y los tRNA histidina, serina y leucina, para investigar las relaciones filogenéticas dentro del género *Barisia* y con ello aportar evidencia que ayude a definir los límites entre sus especies. Para ello se contó tanto con las especies nominales del género como con diversas poblaciones de *B. imbricata* (incluidas sus cuatro subespecies). La finalidad de incluir a taxones putativamente subespecíficos fue para distinguir a las posibles especies evolutivas que pudieran estar incluidas dentro de *B. imbricata*. A partir de los resultados obtenidos, se realizaron inferencias filogeográficas acerca del área de distribución de las especies evolutivas (*sensu* Wiley, 1981; Frost y Hillis, 1990) que conforman este género.

#### HISTORIA TAXONÓMICA DEL GÉNERO Barisia.

El género Barisia surgió a partir del arreglo hecho por Gray (1838) para agrupar a cuatro especies del género Gerrhonotus Wiegmann: B. rudicollis, B. imbricata, B. lichenigera, y B. adspersa (considerando a esta última como una sinonimia de B. lichenigera). Posteriormente, otros arreglos taxonómicos para los gerrhonotinos fueron sugeridos por diferentes autores, nombrándose así al grupo integrado por todas aquellas formas relacionadas con las descritas por Wiegmann dentro del género Gerrhonotus. Entre dichos arreglos destaca el realizado por Cope (1878), quien reconoció a Barisia como uno de cuatro géneros existentes de gerrhonotinos, conformado por las especies propuestas por Gray más la adición de Mesaspis antauges. En este último estudio, Barisia fue definida por los siguientes caracteres de escamación: presencia de dos pares de internasales, carencia de frontales, y prefrontales presentes.

A pesar de los diversos arreglos taxonómicos realizados para el género Barisia a finales del siglo XIX y principios del XX, éstos no fueron considerados como válidos por la mayoría de los autores, retornando la mayoría de ellos al empleo del género Gerrhonotus para incluir en él a todas las formas de gerrhonotinos. No fue sino con Tihen (1949a, b) que se propuso un arreglo taxonómico derivado de un estudio más riguroso, el cual empleó tanto información osteológica como de morfología externa. Como resultado de dichos estudios se rehabilitaron los géneros Abronia y Barisia antiguamente propuestos por Cope (Tihen, 1949b), incluyendo dentro de Barisia a las especies referidas anteriormente por Cope para los géneros Barisia y Mesaspis. Dentro del género Barisia, Tihen (1949a) también propuso la existencia de los grupos imbricata, moreleti y gadovii. De tal forma, el grupo imbricata quedó conformado por B. imbricata (con tres subespecies), B. levicollis y B. rudicollis; el grupo moreleti por B. moreleti (con cinco subespecies), B. monticola, y B. viridiflava; y el grupo gadovii por B. gadovii (con dos subespecies), B. modesta, y B. antauges. Las características distintivas de escamación para el grupo imbricata de acuerdo con este estudio fueron: presencia de una postmentonal pareada; serie de superciliares posteriormente incompleta, en ocasiones anteriormente también; carencia de postnasal superior; usualmente una sola loreal, la cual puede tener una cantal dispuesta en la parte dorsal; y frontonasal y postrostral ausentes.

El arreglo taxonómico propuesto por Tihen fue validado décadas más tarde por Waddick y Smith (1974) con base en el análisis de caracteres de escamación, reconociendo a *Barisia* como uno de los tres géneros de gerrhonotinos junto con *Abronia* y *Gerrhonotus*. Sin embargo, Good (1987, 1988a), con base en información morfológica y osteológica, retornó al uso del género *Mesaspis* para incluir en él a las especies de los grupos gadovii y moreleti propuestos por Tihen (1949b), dejando al género *Barisia* únicamente con las especies del grupo *imbricata*.

El único estudio efectuado para esclarecer el estatus taxonómico de las subespecies de *B. imbricata* fue realizado por Guillette y Smith (1982). Dichos autores realizaron una revisión taxonómica del complejo *Barisia imbricata*, conformado por las subespecies de *B. imbricata* y *B. levicollis*. Como resultado de este estudio se continuó reconociendo dentro del complejo *imbricata* sólo a dos especies, *B. levicollis* y la politípica *B. imbricata*, conformada por cuatro subespecies; sin embargo, no se siguió ningún criterio objetivo para la definición de los límites entre especies dentro de este grupo.

El último estudio taxonómico para el género Barisia fue el realizado por Good (1988a), quien efectuó un análisis filogenético dentro de la subfamilia Gerrhonotinae basado en información obtenida de la morfología externa. En este análisis también se investigaron las relaciones filogenéticas entre las especies del género Barisia, aunque sin considerar a las subespecies de B. imbricata y efectuando el análisis con un escaso número de caracteres. Como resultado de este estudio la monofilia de Barisia se apoyó en siete sinapomorfías morfológicas (mencionadas más adelante en la sección de métodos), resultando B. imbricata y B. levicollis especies hermanas y B. rudicollis la especie hermana de estas últimas.

Actualmente, el género Barisia integra está conformado por tres especies y seis formas, las cuales a continuacuón se mencionan por el orden cronológico en que fueron descritas: Wiegmann (1828) describió las especies Gerrhonotus imbricatus y G. rudicollis (sensu lato), ambas con localidad tipo "México", aunque Smith y Taylor (1950) delimitaron después la localidad tipo de la última especie a la Hacienda la Gavia, en el estado de México. Gerrhonotus planifrons (sensu lato) fue descrito por Bocourt (1879) con localidad tipo "Oaxaca". Barissia levicollis (sensu lato) fue descrita por Stejneger (1890) también con localidad tipo "México", aunque posteriormente Tihen (1949a) la precisó para la Sierra Tarahumara, en el oeste de Chihuahua. Gerrhonotus i. ciliaris (sensu lato) fue descrito para la Sierra de Guadalupe, en el estado de Coahuila (Smith, 1942). Por último, Guillette y Smith (1982) describieron a B. i. jonesi, proveniente de la Sierra de Coalcomán, en el estado de Michoacán.

## **OBJETIVOS**

- Examinar la variación de dos diferentes conjuntos de datos, morfología externa y secuenciación de un fragmento de mtDNA (gen mt ND4 y tRNA hist, ser y leu), para investigar las relaciones filogenéticas entre las especies nominales del género *Barisia*, incluyendo a diferentes poblaciones de la especie politípica *Barisia imbricata*.
- A partir del análisis filogenético:

A) Aportar evidencia filogenética que ayude en la definición de los límites entre especies dentro del género.

B) Realizar inferencias filogeográficas acerca del área de distribución de las distintas especies que lo conforman.

## MÉTODOS

## **DATOS MORFOLÓGICOS**

Material examinado.—Se examinó la morfología externa de 226 especímenes del género *Barisia* preservados en alcohol al 70%, los cuales se encuentran enlistados junto con sus localidades de procedencia en el Apéndice I. Parte de los especímenes examinados que provienen de la Colección Herpetológica del Museo de Zoología de la Facultad de Ciencias (MZFC) fueron recolectados por el autor de este estudio para complementar aquellos taxones poco representados en las colecciones consultadas. La terminología usada para los caracteres de escamación fue la sugerida por Good (1988a; ver Apéndice II), excepto para las escamas occipitales e interoccipitales, en donde se usó la nomenclatura de Campbell y Frost (1993), quienes nombran a ambos elementos como occipitales. Varios elementos de escamación fueron bilateralmente variables dentro de algunos especímenes por lo que el número de casos examinados para los caracteres provenientes de estas escamas fue el doble que el número de ejemplares. En ocasiones algunos caracteres no pudieron ser registrados debido al considerable grado de deterioro en que se encontraban los especímenes.

Selección y codificación de caracteres.—Al igual que en trabajos previos (Guillette y Smith, 1982; Good, 1988a), los caracteres morfológicos examinados revelaron una considerable variación intraespecífica independiente de la sexual y la ontogenética dentro del género *Barisia*. A pesar de que los caracteres polimórficos son más homoplásticos que los fijos (Wiens, 1995), contienen información filogenética importante que, de ser excluida, disminuye la precisión de un análisis filogenético (Wiens y Servedio, 1997). Además, la ausencia de variación en los caracteres fijos puede ser en ocasiones sólo un artefacto del tamaño de la muestra (Campbell y Frost, 1993). Debido a lo anterior, para esta parte del estudio se seleccionaron todos aquellos caracteres considerados como potencialmente informativos filogenéticamente (caracteres con estados variables entre los taxones y definidos de manera discreta o cualitativa), ya fueran fijos o variables dentro de los taxones analizados, por lo que se hizo necesario el uso de un método de codificación que incorporara polimorfismos Actualmente existen varios métodos de codificación de polimorfismos, los cuales debido a las diferencias en sus principios teóricos frecuentemente dan lugar a distintas hipótesis filogenéticas [ver revisiones de los distintos métodos de codificación de polimorfismos en Wiens (1995), Murphy y Doyle (1998), Kornet y Turner (1999)].

Con el fin de obtener una hipótesis filogenética más robusta a partir de los datos de morfología externa, se evaluó el desempeño de cinco diferentes métodos de codificación de caracteres de acuerdo con la robustez de las ramas de sus árboles obtenidos y el signo filogenético de sus datos. Las técnicas empleadas para evaluar el desempeño de los métodos de codificación de caracteres morfológicos se mencionan en la sección de análisis filogenético. La mayor parte de los métodos utilizados tienen que postular *a priori* la condición derivada de cada carácter, por lo que la manera en que se polarizaron los mismos también se detalla en la sección de análisis filogenético. Las matrices de datos para cada uno de los métodos se encuentran en el apéndice IV.

(A) Método de caracteres fijos (MCF).—Campbell y Frost (1993) nombraron al método que desecha a cualquier carácter que sea polimórfico en uno o más taxones terminales como "only fixed method". Esta práctica ha sido tradicionalmente utilizada en sistemática, aunque nunca se justifican las razones de la exclusión de los polimorfismos (Wiens, 1995; Kornet y Turner, 1999). Los estados de carácter encontrados en los caracteres multiestado fueron tratados como desordenados en éste método.

(B) Método binario de frecuencias (MBF).—Los procedimientos descritos para este método fueron los empleados por Wiens (1995). Los caracteres binarios se codificaron de la siguiente manera: a cada uno de los taxa terminales se le asignó una letra de la "a" a la "y" basándose en la frecuencia observada de la condición derivada (a = 0-3%, b = 4-7%, ..., y = 97-100%). Cada carácter se ordenó desde su ausencia hasta su fijación (a—y), asumiendo que una apomorfía debe pasar a través de un estado polimórfico antes de fijarse (Wiens, 1993; 1995). Debido a que con el MBF sólo se pueden codificar caracteres binarios, los caracteres con tres o más estados se codificaron con el método de mayoría según la propuesta de Wiens y Reeder (1997). En el método de mayoría, el estado que ocurre en la mayor parte de los especímenes es codificado como el único presente (Wiens, 1995; Kornet y Turner, 1999). En el caso de que dos estados tuvieran la misma frecuencia, la especie se codificó como polimórfica. La codificación de un carácter multiestado por el método de mayoría se consideró como equivalente al 100% para el método binario de frecuencias, por lo que los caracteres multiestado se pesaron por 24 para que fueran equivalentes con los caracteres codificados por el MBF. La longitud reportada de los árboles resultantes se dividió entre 24 para equipararla con las obtenidas por los otros métodos.

(C) Método de cualquier caso del estado derivado (MCD).—Los procedimientos del método MCD empleados aquí fueron los sugeridos por Campbell y Frost (1993) y Wiens (1995). La premisa de este método radica en que la adquisición compartida de estados derivados proviene de una mutación genética del ancestro común, y ese evento de mutación hipotetizado puede ser usado para agrupar taxa (Murphy, 1993). Por lo tanto, la condición derivada presente en cualquier frecuencia es codificada como si estuviera fija, por lo que una especie con una apomorfía fija o polimórfica es tratada igual (0/1 o 1 = 1).

Wiens (1995) y Wiens y Servedio (1997) señalaron que para el MCD no es claro cómo se pueden codificar los caracteres multiestado. No obstante, Murphy (1993) ideó un método para codificar este tipo de caracteres con el MCD, el cual se empleó en esta parte del estudio. En éste, primero se consideran las distintas posibilidades de que uno de los estados derivados haya aparecido primero, seguido por la "mutación" hacia otro, y así sucesivamente, según haya sido el número de estados presentes en cada taxón. El esquema de aparición de las condiciones derivadas que resulte más similar a las relaciones entre los estados de los demás caracteres en el análisis es el tomado en cuenta (tratándolo como ordenado), considerando que las otras posibilidades dan por resultado soluciones menos parsimoniosas.

(D) Método de cualquier caso del estado ancestral (MCA).—Los procedimientos de este método siguieron los principios citados por Kornet y Turner (1999). La condición plesiomórfica observada en un taxón en cualquier frecuencia fue codificada como la única presente. Debido a que estos autores no indican la manera en que se deben codificar los caracteres multiestado, estos se codificaron con el mismo procedimiento seguido para el MCD.

(E) Método polimórfico (MPF).—En esta alternativa, que está incluida en algunos programas de cómputo de reconstrucciones filogenéticas [p. ej., PAUP (Swofford, 1998); Hennig 86 (Farris, 1988)], un taxón con dos características presentes en cualquiera frecuencias es codificado como polimórfico (0/1). En el contexto de dichos programas, uno de los estados observados será asignado al taxón polimórfico *a posteriori*, dependiendo de como el taxón se ubica en el árbol con base en otros caracteres. Para el caso de los caracteres multiestado, los diferentes estados derivados fueron tratados como desordenados.

#### DATOS DE MTDNA.

Especímenes examinados y selección del fragmento genético.—Los datos moleculares se obtuvieron a partir de las secuencias del gen mitocondrial que codifica la subunidad 4 de la NADH deshidrogenasa (ND4) y los RNAs de transferencia (tRNA) de histidina, serina y leucina. Las localidades de procedencia de estos especímenes junto con el número de catálogo de sus respectivas colecciones se encuentran enlistados en el cuadro 1. Se decidió utilizar este fragmento genético ya que ha probado ser filogenéticamente informativo para otros grupos de lacertilios en hipótesis a nivel de especie o infraespecíficas (Arévalo *et al.*, 1994; Sites *et al.*, 1996; Benabib *et al.*, 1997; Flores-Villela *et al.*, en prensa; Nieto-Montes de Oca, datos no publicados). Las muestras de tejido se depositaron en el MZFC, almacenándolas en un ultracongelador a  $-70^{\circ}$ C hasta el momento de ser empleadas.

TAXÓN	LOCALIDAD	NO. DE CATÁLOGO
Barisia rudicollis	Valle de Bravo, Edo. México	MZFC – 9594
Barisia sp. nov.	Ocuilan, Edo. México	MZFC-9580
Barisia imbricata jonesi	Coalcomán, Michoacán	UGV- 4116*
Barisia imbricata imbricata	Las Joyas, Jalisco	MZFC- 6001
	Sierra del Ajusco, D.F.	MZFC-11663
	Zempoala, Estado de México	MZFC-11195
	Peña Verde, Oax	MZFC-12545
	Tehuacán, Pue.	MZFC-12544
Barisia imbricata ciliaris	Pinal de Zamorano, Querétaro	MZFC- 9252
	Álvarez, San Luis Potosí	MZFC-11082
	El Salto, Durango	MZFC-12547
Barisia imbricata planifrons	Sierra de Juarez, Oaxaca	MZFC-12546
Mesaspis gadovii	Omiltemi, Guerrero	MZFC-10206
Abronia graminea	Veracruz	ART- 091*
Elgaria kingii	Casacadas de Basaseachic, Chih.	MZFC- 5754

Cuadro 1.—Localidades de recolecta de los especímenes de Barisia y grupos externos incluidos para los datos de secuenciación de mtDNA. \*Números de colector, ejemplares depositados en el MZFC no catalogados.

Procedimientos de laboratorio.—El DNA genómico total de cada espécimen se extrajo pulverizando con nitrógeno líquido aproximadamente 100 mg de tejido muscular o hepático con la ayuda de un mortero y un pistilo de porcelana previamente esterilizados. La muestra pulverizada fue suspendida en 1ml de buffer G2 (800mM GuHCl, 30mM EDTA, 30mM Tris/HCl, 5% Tween-20, 0.5% Triton X-100, pH 8; QIAGEN, 1995) y sometida a lisis por incubación a 50°C por 2 h agregando

aproximadamente 250 µg de proteinasa K. Posteriormente se extrajo el DNA de la muestra por el método de columna descrito en el manual de QIAGEN (1995).

El DNA extraido se usó para amplificar por medio de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) 948 pares de bases del fragmento genético antes citado, comenzando en la posición 1165 de la secuencia alineada de *Sceloporus poinsetti* presentada por Arévalo *et al.* (1994). Para ello se emplearon los siguientes primers descritos por Arévalo *et al.* (1994): Primer ND4 = 5' -CAC CTA TGA CTA CCA AAA GCT CAT GTA GAA GC 3', posiciones de referencia 11165-11196; Primer Leu = 5' - CAT TAC TTT TAC TTG GAT TTG CAC CA 3', posiciones de referencia 12111-12086. La PCR fue ejecutada con la ayuda de la polimerasa TAQ (GibcoBRL), desnaturalizando el DNA inicialmente a 94°C por 3 min, seguido por 35 ciclos de amplificación bajo las siguientes condiciones: desnaturalización a 94°C por 1 min, alineamiento a 50°C por 1 min y extensión a 72°C por 1 min.

Los productos amplificados se purificaron por medio de la técnica de columna descrita en el manual de QIAGEN (1995). Una primera parte del gen ND4 (aproximadamente 350 pb) fue secuenciada de manera manual mediante la técnica de Sanger (ver Hillis y Moritz, 1996), usando el primer de amplificación ND4. El fragmento genético restante fue secuenciado con la ayuda del secuenciador automático de DNA ABI 373A (Applied Biosystems, Inc.) y el DNA sequencing kit Big Dye<sup>™</sup> "Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction" (Applied Biosystems). Para ello se diseñó el primer interno Barisia: 5′- GGA CGC ACG AAC TCA CG 3′, alineado entre las posiciones 11532 y 11549. Los parámetros del ciclo de amplificación usando este primer fueron 96°C por 30 segundos, 50°C por 15 segundos, y 60°C por cuatro minutos (25 ciclos). Este último fragmento fue secuenciado en ambas direcciones con cerca del 90% de superposición para minimizar posibles errores.

Las secuencias de todos los especímenes fueron alineadas y editadas usando el programa de cómputo DNAMAN<sup>™</sup> versión 2.6 (Lynnon Biosoft, 1996), empleando para ello diferentes costos de extensión de gaps (5, 10 y 15). Aquellas partes que resultaran diferentes entre las tres alineaciones se omitieron en el análisis, dejando por lo tanto la secuencia completa en caso de que dichos alineamientos resultaran idénticos. Las posiciones que presentaron gaps debido a la inserción o deleción de nucleótidos fueron incluidas también en los análisis de máxima parsimonia, en el que los nucleótidos fueron tratados como desordenados y los gaps se consideraron como un quinto estado de carácter, asumiendo que los eventos de inserción y de deleción pueden ser filogenéticamente informativos. También se obtuvo el número total de diferencias de nucleótidos y el porcentaje de divergencia genética para cada par de taxones mediante la opción contenida en PAUP, versión de prueba 4b2a (Phylogenetic Analysis Using Parsimony; Swofford, 1998).

## **ANÁLISIS FILOGENÉTICO**

Elección de los taxones terminales.—Para el análisis se emplearon como taxones terminales las especies *Barisia rudicollis*, *B. levicollis*, y *B. sp. nov.*, así como las cuatro subespecies de *B. imbricata*. En los casos tanto de *B. i. imbricata* como de *B. i. ciliaris* se incluyeron cuatro representantes geográficamente aislados unos de otros, correspondientes a conjuntos poblacionales morfológicamente homogéneos. Para obtener los datos de mtDNA se tomó el fragmento genético de un especímen (dos especímenes en el caso de *B. i. imbricata* 4) como representante de cada taxón terminal (ver Cuadro 2). En los casos de *B. levicollis* y *B. imbricata* ciliaris 4 no fue posible obtener muestras de tejido, por lo que sus secuencias quedaron excluídas de los análisis realizados. En la Figura 2 se encuentran ubicadas en un mapa las localidades de procedencia de los especímenes examinados de cada uno de los taxones terminales, tanto para los datos morfológicos como para los de mtDNA.

TAXONES TERMINALES	MORFOLOGÍA	mtDNA
Barisia sp. Nov.	24	1
Barisia rudicollis	18	1
Barisia levicollis	14	0
Barisia imbricata planifrons	20	1
Barisia imbricata jonesi	23	1
Barisia imbricata imbricata 1	8	1
Barisia imbricata imbricata 2	45	1
Barisia imbricata imbricata 3	7	1
Barisia imbricata imbricata 4	14	2
Barisia imbricata ciliaris 1	11	1
Barisia imbricata ciliaris 2	6	1
Barisia imbricata ciliaris 3	23	1
Barisia imbricata ciliaris 4	13	0
Mesaspis gadovii (grupo externo)	10	1
Abronia graminea (grupo externo)	10	1
Elgaria kingii (grupo externo)	9	1
Total individuos grupo interno	226	12
Total de individuos	255	15

Cuadro 2.—Especímenes examinados para cada tipo de datos en cada uno de los taxones terminales (ver procedencia de los conjuntos poblacionales de Barisia i. imbricata y B. i. ciliaris en la Figura 2).

Figura 1. Localidades de recolecta de los especimenes pertenecientes a los taxones de *Barisia* incluidos para este estudio. Mapa superior:  $\blacklozenge$  *B. levicollis*;  $\blacklozenge$  *B. imbricata imbricata*;  $\blacksquare$  *B. i. ciliaris*;  $\blacktriangledown$  *B. i. jonesi*;  $\blacktriangle$  *B. i. planifrons* Para el caso de *B. i. imbricata* y *B. i. ciliaris*, las poblaciones de ambas fueron segregadas en cuatro conjuntos poblacionales cada una (ver en texto). Mapa inferior:  $\blacksquare$  *B. sp. nov.*;  $\blacklozenge$  *B. rudicollis*; ? ejemplar de *B. rudicollis* con localidad dudosa.

Método filogenético.—Los dos conjuntos de datos se analizaron tanto de manera separada como combinada. Todos los análisis se ejecutaron con el programa de cómputo PAUP, versión de prueba 4b2a (Swofford, 1998). Las matrices de los conjuntos de datos separados y combinados se presentan en el Apéndice III. Los análisis de los diferentes métodos de codificación de caracteres morfológicos se ejecutaron usando el método de máxima parsimonia (MP) sin ponderación de caracteres. Con respecto al análisis realizado con los datos de mtDNA, el método empleado fue el de Máxima Verosimilitud (ML; siglas en inglés). Varios métodos se han propuesto para inferir filogenías a partir de secuencias moleculares (p. ej., ver Nei, 1987; Felsenstein, 1988), los cuales han sido sujetos a diversos estudios comparativos para inferir su eficiencia relativa en encontrar el árbol correcto por medio de simulaciones en computadora (p. ej., Hasegawa *et al.*, 1991; Hasegawa & Fujiwara, 1993; Nei, 1996). Dichos estudios sugieren que cuando la tasa evolutiva difiere entre linajes, a diferencia del método de ML, el método de MP no es eficiente. Además, el método de ML ofrece una base objetiva para poder elegir el peso de los caracteres (Felstenstein, 1981), y no sólo intenta investigar la topología óptima sino también la longitud de las ramas y el mejor modelo de sustitución de nucleótidos (Sullivan *et al.*, 1997).

Con el fin de escoger el modelo de evolución de secuencias de nucleótidos más adecuado para la realización del análisis con el método de ML se siguieron los pasos principales del procedimiento sugerido por Sullivan *et al.* (1997), que a continuación se describen. Primero se efectuaron dos análisis con el método de MP mediante búsquedas de branch and bound, uno considerando todas las posiciones y sustituciones de nucleótidos con un mismo peso, y el otro aplicando un pesaje sucesivo de caracteres tomando en cuenta el valor máximo del índice de consistencia reescalado. Los árboles más parsimoniosos que resultaron de ambos análisis se usaron para evaluar cuatro modelos de verosimilitud con parámetros diferentes, y de los cuales el óptimo se usó en una búsqueda heurística con el método de ML. A continuación se mencionan de menor a mayor grado de complejidad los cuatro modelos de evolución usados así como los parámetros aplicados para cada uno:

1) Modelo de Jukes-Cantor (JC; Jukes y Cantor, 1969).—También llamado modelo de un parámetro, el modelo de Jukes-Cantor asume que las sustituciones entre los cuatro tipos de nucleótidos ocurren de manera azarosa, por lo que las transiciones y transversiones tienen una misma tasa de cambio (Nei, 1987).





2) Modelo de dos parámetros de Kimura (K2P; Kimura, 1980; con una misma frecuencia de bases).---Debido a que la consideración de que todas las sustituciones ocurren azarosamente y a una misma tasa de cambio no es realista para la mayoría de los casos (Li, 1997), otros modelos alternativos al modelo de Jukes-Cantor fueron propuestos. A partir del descubrimiento de que las transiciones son más frecuentes que las transversiones, Kimura (1980) desarrolló un método para estimar el número de sustituciones de nucleótidos por sitio considerando que el número total posible de pares de nucleótidos es 16, y que la tasa de transiciones es diferente a la de transversiones.

3.a) Modelo de Hasegawa-KishinoYano (HKY85; Hasegawa *et al.*, 1985; con diferentes tasas de cambio para las transiciones y transversiones y una misma frecuencia de bases).—El desarrollo de este modelo se hizo con el fin de tomar la mayor información posible contenida en un conjunto de datos de secuencias (Hasegawa, *et al.*, 1985). Para ello, el reloj molecular de mtDNA fue calibrado ubicando los datos de divergencia entre primates y ungulados en los límites del periodo cretáceo y terciario (hace 65 millones de años) para después aplicar un método generalizado de mínimos cuadrados, el cual dio la divergencia en millones de años entre diferentes grupos de primates.

3.b) Modelo de HKY85 con varios sitios asumidos como invariables y los sitios variables con una misma tasa de cambio (HKY85+I; Hasegawa *et al.*, 1985).

3.c) Modelo de HKY85 con varios sitios asumidos como invariables y sitios variables con una distribución gamma (HKY85+I+ $\Gamma$ ; Gu *et al.*, 1995).

4) Modelo de Tiempo general reversible con varios sitios invariables y los sitios variables con una distribución gamma (GTR+I+ $\Gamma$ ; Yang, 1994).—Este modelo asume una diferente tasa de cambio para cada una de las seis clases de sustituciones de nucleótidos.

Después de haber realizado los análisis separados de datos se ejecutó un análisis de evidencia total con el método de MP mediante una búsqueda de branch and bound, considerando a todos los caracteres con un mismo peso. Este último método, a diferencia del método de ML, permite la inclusión tanto de taxones con datos incompletos como el uso de cualquier tipo de caracteres (p. ej. ver en Felsenstein, 1995). Una vez obtenidos los árboles para cada conjunto de datos (separados y combinados), el árbol combinado se tomó como la mejor hipótesis filogenética, pero considerando como cuestionables

aquellos clados que estuvieran pobremente apoyados por valores de bootstrap'y/o la prueba de permutación probabilística (siglas en inglés BTP y PTP, respectívamente), y que además se encontraran fuertemente apoyados pero en conflicto (con diferentes historias) en los análisis separados (Wiens, 1998b).

Monofilia del género y enraizamiento de árboles.—Good (1988a) encontró ocho sinapomorfias morfológicas (siete de ellas de escamación) que apoyaban la monofilia de *Barisia*, de las cuales las primeras cuatro son homoplásticamente compartidas con miembros de otros géneros: 1) ausencia de frontonasal; 2) postoccipitales rugosas; 3) 14 hileras longitudinales de dorsales; 4) reducción a menos de 40 hileras transversales de dorsales; 5) fusión de la supranasal con una postnasal; 6) fusión de cantales con loreales; 7) reducción de 5-7 a 3-1 superciliares; y 8) un hocico corto y alto.

De acuerdo con la revisión morfológica de los especímenes en este estudio, los caracteres 3, 4 y 6 no pueden ser tomados como sinapomorfias para el género en mención, ya que en *B. imbricata*, excepto *B. i. imbricata*, siempre ocurren 16 hileras longitudinales de dorsales; en *B. levicollis* y *B. i. ciliaris* usualmente hay 40 o más hileras transversales de dorsales; y en *B. rudicollis* y *B. sp. nov.* la serie cantoloreal siempre está dividida verticalmente en dos elementos. También se rechazan como sinapomorfías para el género *Barisia* los caracteres 2 y 8, ya que éstos no se pueden determinar objetivamente en los especímenes examinados. Sólo los caracteres 1, 5 y 7 podrían considerarse como sinapomorfías que apoyaran la monofilia de *Barisia*, a pesar de que en el carácter 1 algunos especímenes de *B. rudicollis* presentan la condición ancestral (presencia de frontonasal), y que en los miembros de este género ocurren 1-4 y no 1-3 sueperciliares, como señala Good (1988a).

Con el fin de poder definir la condición de los caracteres y para probar la monofilia del género *Barisia*, se examinaron también grupos externos. En el análisis filogenético realizado por Good (1988a) con información de morfología externa, *Barisia* es el grupo hermano de *Mesaspis* + *Abronia*, y *Elgaria* el grupo hermano de estos tres géneros. No obstante, dos análisis realizados con datos moleculares han obtenido relaciones distintas. En una de las hipótesis, *Abronia* fue el grupo hermano del clado *Barisia* + *Mesaspis* (Chippindale *et al.*, 1998). En la otra hipótesis, se presentó una politomía entre *Barisia, Gerrhonotus* y el clado *Abronia* + *Mesaspis*, siendo *Elgaria* el grupo hermano de estos cuatro géneros (Macey *et al.*, 1999). Debido al conflicto que existe entre las hipótesis antes mencionadas, aquí se incluyeron como grupos externos especímenes de los géneros *Mesaspis*, *Abronia* y *Elgaria*, pero sin

forzar sus posiciones en los diferentes análisis realizados. Los estados presentes en cada uno de estos géneros se optimizaron examinando para los datos morfológicos y de mtDNA a sus especies más basales disponibles de acuerdo con hipótesis filogenéticas previas (Good, 1989, para *Mesaspis*; Campbell y Frost, 1993, para *Abronia*; y Good, 1988b, para *Elgaria*). Para el género *Mesaspis* se contó con especímenes y tejidos de su especie más basal (*M. gadovii*), para *Abronia* con las especies más basales disponibles (*A. graminea* y *A. taeniata*), y para *Elgaria* sólo se contó con especímenes y tejidos de su especie más basal (*M. gadovii*), para *Abronia* con las especies más basales disponibles (*A. graminea* y *A. taeniata*), y para *Elgaria* sólo se contó con especímenes y tejidos de su especies más basales disponibles (*A. graminea* y *A. taeniata*), y para *Elgaria* sólo se contó con especímenes y tejidos de su especies más basales disponibles (*A. graminea* y *A. taeniata*), y para *Elgaria* sólo se contó con especímenes y tejidos de su especies más basales disponibles (*A. graminea* y *A. taeniata*), y para *Elgaria* sólo se contó con especímenes y tejidos de *E. kingii*.

Una condición requerida por los cuatro métodos de codificación de polimorfismos evaluados en la parte morfológica es que la condición ancestral de los caracteres sea definida *a priori* (Kornet y Turner, 1999). Para ello, la condición ancestral para los carecteres morfológicos se estableció comparando con el algoritmo de Maddison *et al.* (1984) los estados presentes en los tres géneros tomados como grupos externos, siguiendo para ello la hipótesis propuesta por Good (1988a). Cada análisis (separados y combinado) se ejecutó en principio sin definir a los grupos externos. En caso de que existiera una sola rama que separara a los miembros del grupo interno y externo, entonces se consideró al grupo interno como monofilético (Swofford *et al.*, 1996). Posteriormente, los árboles se enraizaron definiendo *a posteriori* (Nixon y Carpenter, 1993) a los grupos externos mediante la opción "rooting trees" contenida en el PAUP.

Límites entre especies.—A partir de la hipótesis filogenética elegida se propuso la definición de los límites entre especies dentro del género *Barisia*. Para ello resultó indispensable tomar como referencia un concepto de especie para la aceptación o rechazo de dichos límites (ver Sites y Crandall, 1997). El concepto de especie usado en este estudio fue el concepto evolutivo propuesto por Frost y Hillis (1990), en el que las especies representan "las mayores entidades evolutivas, y cuyas partes, en caso de distinguirse, no siguen trayectorias filogenéticas diferentes". Considerando dicho concepto, las líneas de evidencia empleadas para distinguir las especies contenidas en el género *Barisia* fueron la hipótesis filogenética entre los diferentes taxones examinados, su distribución geográfica, y su diagnóstico morfologico y genético. Por lo tanto, dos taxones fueron considerados como aloespecíficos en caso de que entre ellos existiera alopatría, cada uno fuera diagnosticable morfológica y/o genéticamente, y existiera discordancia en cuanto a su genealogía (que no formaran un grupo monofilético) (p. ej., Avise y Ball, 1990; Wiens *et al.*, 1999).

Evaluación de los métodos de codificación e hipótesis de los diferentes conjuntos de datos.—Varios de los recientes avances en metodología filogenética han centrado el desarrollo de sus procedimientos en identificar la covarianza entre caracteres y en valorar la cantidad de soporte de los nodos (Fu y Murphy, 1999). La presencia de covarianza entre caracteres ha sido señalada como un buen indicador de señal filogenética dentro de un conjunto de datos. Actualmente se usan de manera frecuente dos tipos de análisis para calcular la presencia de covarianza entre caracteres, la prueba que mide el sesgo de la distribución de frecuencias de las longitudes de los árboles (estadístico de gI) y la PTP. El estadístico g1 mide el nivel de sesgo en la distribución de las longitudes de árboles elegidos al azar, demostrando dicho sesgo estar cercanamente relacionado en simulaciones con una correcta estimación filogenética (Hillis y Huelsenbeck, 1992). Por otro lado, la PTP permuta azarosamente los estados de carácter de los distintos caracteres entre los taxones, calcula las longitudes, y subsecuentemente examina la covarianza ente los caracteres (Fu y Murphy, 1999). Con respecto a la evaluación del soporte de los nodos en un árbol, el estadísitco más usado es la técnica de BTP, la cual emplea un remuestreo azaroso de caracteres con remplazo para estimar el soporte de un clado determinado (Felsenstein, 1985). No obstante, otra manera de evaluar el soporte de los nodos fue propuesta recientemente por Fu y Murphy (1999) empleando la PTP, no sólo para detectar la presencia de covarianza entre caracteres dentro de un conjunto de datos, sino también para localizarla de entre los nodos existentes en un árbol.

El desempeño de los métodos de codificación usados para los datos morfológicos se evaluó estimando tanto la señal filogenética del conjunto de datos de cada método mediante las técnicas de gIy PTP, como el soporte de los nodos de sus árboles con las pruebas de BTP y PTP. También se estimó la robustez de los árboles obtenidos con los datos de mtDNA y combinados. Las técnicas de gI y PTP se efectuaron con 1000 árboles elegidos al azar. Con el fin de obtener un índice comparable entre los métodos de codificación de polimorfismos para el estadístico gI, se usó la diferencia entre la gIobservada y el valor crítico para datos al azar obtenido del cuadro presentado por Hillis y Huelsenbeck (1992), en donde un índice  $\geq 0$  indica que la información filogenética es indistinguible de datos obtenidos al azar (Wiens, 1995). Para la técnica de BTP se efectuaron búsquedas heurísticas con 1000 réplicas. Un valor de BTP  $\geq$  70 se tomó como indicador de un nodo bien apoyado (Hillis y Bull, 1993). Debido al extenso tiempo de ejecución que requiere un análisis de bootstrap con el método de ML para los datos de mtDNA, el soporte de sus clados estuvo basado en los valores de bootstrap del análisis de MP, en caso que en ambos análisis se obtuviera una misma topología. Para la técnica de PTP, la localización de covarianza en los nodos se realizó empleando la siguiente metodología propuesta por Fu y Murphy (1999):

1) Identificación de covarianza significativa de caracteres dentro del conjunto de datos, incluyendo datos del grupo externo.

2) Cuando la PTP fue significativa (PTP  $\leq 0.05$ ) se ejecutó un análisis de parsimonia para obtener la mejor hipótesis filogenética (un solo árbol o un consenso). Los clados apoyados por valores de BTP entre 0.3 y 1 fueron definidos como subconjuntos.

3) Para probar las relaciones entre los subconjuntos, se eligió un taxon representante de cada subconjunto para formar un nuevo conjunto de datos. Se ejecutó una PTP con el nuevo conjunto de datos; y cuando fue significativa, los taxones se removieron uno por uno, empezando por el nodo con mayor valor de BTP. Después de cada evento de remoción de taxones la matriz se reevaluó. Este procedimiento continuó hasta que se obtuvo un valor no significativo de PTP (> 0.05) o quedaran sólo dos taxones del grupo interno.

4) Las relaciones dentro de los subconjuntos se evaluaron combinando cada subconjunto con su grupo externo funcional para formar un nuevo subconjunto de datos, el cual luego se evaluó después con pruebas de PTP mediante el procedimiento descrito en el paso anterior.

5) El apoyo para la monofilia de los clados se evaluó retornando uno o más de los taxones previamente removidos durante el paso 3. Empezando por el remanente no covariado del paso anterior, cada taxón fue colocado de nuevo en el conjunto de datos. Se ejecutó una PTP para el nuevo conjunto de datos; si era significativa, entonces el clado se consideró como un grupo monofilético bien apoyado. Esta conclusión se reforzó si al sustituir alguno de los taxones del último conjunto de datos el clado permaneció bien apoyado.

## ANÁLISIS FILOGEOGRÁFICO

A partir de los registros de las colecciones consultadas y de registros citados en la literatura se delimitó la distribución geográfica de las diferentes especies integrantes del género *Barisia*, tomando como base la división de las provincias morfotectónicas de la República Mexicana sugerida por Ferrusquía (1998). La provincia morfotectónica de procedencia de cada taxón terminal se sobrelapó con la hipótesis filogenética preferida en este estudio con el fin de hipotetizar las afinidades faunísticas existentes entre dichas provincias. Por último, a partir de las relaciones filogeográficas observadas y los

datos de divergencia genética se propuso una hipótesis sobe los posibles eventos de especiación que dieron origen a las diferentes especies del género *Barisa*.

#### DESCRIPCIÓN DE CARACTERES MORFOLÓGICOS

A continuación se mencionan los caracteres morfológicos seleccionados, los estados presentes en cada uno de ellos, la condición ancestral establecida para el uso de los métodos de codificación de polimorfismos evaluados, y las frecuencias observadas de las condiciones derivadas para cada uno de los taxones. (0) = condición ancestral; (1, 2, 3) = condiciones derivadas no ordenadas. EBV= Número de especímenes bilateralmente variables

1. Contacto nasal-rostral: (0) Ausente, o presente debido a la ausencia de las internasales anteriores; (1) presente, con la presencia de internasales antriores. El contacto entre estas escamas debido a un alargamiento de las nasales ocurre en todos los especímenes de *Barisia rudicollis* y el 98% de especímenes de *B. sp. nov* (Figura 3b). Este contacto se presenta también en todos los especímenes de *Elgaria* pero por la ausencia de internasales anteriores. En los restantes miembros de *Barisia*, así como en *Mesaspis* y *Abronia*, no se presenta dicho contacto (Figura 3a).

2. Fusión supranasal-postnasal dorsal: (0) Ausente; (1) presente. La fusión de la supranasal con la postnasal dorsal es una condición presente en todos los taxones del género *Barisia*. En los grupos externos se observan siempre dos elementos postnasales: uno dorsal y uno ventral, este último en contacto con la supranasal al nivel de la parte posterodorsal de la nasal.

3. Fusión postnasal-loreal anterior: (0) Ausente; (1) presente. La aparente fusión de la postnasal con la loreal anterior (ver definición del elemento loreal más adelante) es una condición que únicamente se observa en algunos especímenes de *Barisia rudicollis* (50%) y *B. sp. nov.*(43%; 5 EBV). En los demás especímenes de *Barisia* la única postnasal presente se encuentra bien diferenciada de la loreal anterior, mientras que en los grupos externos, los dos elementos postnasales también están diferenciados de la loreal anterior.

4. Loreales: (0) dos; (1) una. De acuerdo con Good (1988a), a las escamas que componen la región lateral de la parte posterior del hocico, entre las postnasales y hasta las preoculares, se les denomina serie cantoloreal. La fusión de la serie de cantoloreales en un solo elemento (una loreal) ocurre en todos

los especímenes de las subespecies de *Barisia imbricata* y en *B. levicollis* (Figura 4a). Por otra parte, en todos los especímenes de *Barisia rudicollis* y de *B. sp. nov.* la serie cantoloreal está compuesta por dos elementos (dos loreales) dispuestos en una hilera longitudinal (Figura 4b). En los grupos externos todos los especímenes examinados presentan también dos loreales, por lo que esta fue considerada como la condición ancestral.

5. Cantal: (0) ausente; (1) presente. Cuando ocurre la división horizontal de la serie cantoloreal, las escamas dispuestas en la parte dorsal son llamadas cantales. En el 4% de los especímenes de *Barisia rudicollis*, 6% de *B. sp. nov.*,10% (1 EBV) de *B. i. imbricata 2*, 6% de *B. i. imbricata 4*, 9% de *B. i. ciliaris 1*, 50% de *B. imbricata ciliaris 2*, 42% (2 EBV) de *B. i. ciliaris 3*, y 17% (1 EBV) de *B. i. ciliaris 4* está presente una cantal. Una cantal también está presente de manera poco frecuente (20%) en los especímenes de *Mesaspis*, mientras que los especímenes de *Abronia y Elgaria* carecen de este elemento, por lo que esta última condición fue considerada como la ancestral

6. Frontonasal: (0) presente; (1) ausente. Good (1988a) señaló la ausencia de la frontonasal como una de las sinapomorfías que distinguen al género *Barisia; s*in embargo, algunos ejemplares de *B. rudicollis* (44%) presentan esta escama (Figura 5a). La condición ancestral para este carácter fue la presencia de una frontonasal ya que en todos los especímenes de los tres grupos externos siempre está presente este elemento (Figura 5b).

7. Superciliares: (0) cinco o más; (1) cuatro; (2) tres o dos; (3) una. La condición plesiomórfica para este carácter es claramente la presencia de cinco o más superciliares, ya que siempre se encuentra en *Mesaspis, Abronia y Elgaria.* La presencia de cuatro o menos superciliares ha sido señalada como una de las sinapomorfías que distinguen al género *Barisia* (Good, 1988a). No obstante, dentro de este género existe una considerable variación en el número de estas escamas. En todos los especímenes de *B. levicollis* se encuentra una superciliar. En todos los especímenes de *B. i. jonesi* y de los cuatro conjuntos poblacionales de *B. i. imbricata*, 90% (1EBV) de *B. i. planifrons*, 92% (2EBV) de *B. i. ciliaris 1*, 82% de *B. i. ciliaris 2*, 93% (1 EBV) de *B. i. ciliaris 3*, 82% (1 EBV) de *B. i. ciliaris 4*, 12% (1 EBV) de *B. sp. nov.*, y en el 5% de *Barisia rudicollis* se presentan dos o tres superciliares (Figura 4a). En la mayoría de los especímenes de *B. rudicollis* (95%) y *B. sp. nov.* (88%), y en el 10% de los especímenes de *B. i. ciliaris 4*, se encuentra presentes cuatro superciliares (Figura 4b).

8. Occipitales: (0) una; (1) tres. Los elementos mencionados aquí como occipitales (sensu Campbell y Frost, 1993) son los considerados por Good (1988a) como interoccipital + occipitales. La condición única en los especímenes de Abronia, Mesaspis y Elgaria examinados es la presencia de una sola occipital. En todos los especímenes de Barisia rudicollis y B. sp. nov., el 7% de B. levicollis, 4% de B. imbricata jonesi, 10% de B. i. imbricata 2, 12% de B. i. imbricata 4, 17% de B. i. ciliaris 2, y 20% de B. i. ciliaris 3, están presentes tres escamas occipitales, la medial tres o cuatro veces más grande que las laterales (Figura 6a). Los demás especímenes presentan una sola occipital (Figura 6b).

9. Número de hileras longitudinales de nucales: (0) ocho o más; (1) seis o menos. Todos los especímenes examinados de *Barisia sp. nov.* y *B. rudicollis* presentan una reducción en el número de hileras longitudinales de nucales (de cuatro a seis; Figura 7a) con respecto a los demás taxones del grupo interno, los cuales presentan ocho o más de estas hileras (76b). La presencia de ocho o más hileras longitudinales de nucales ocurre en todos los especímenes de *Mesaspis* y *Elgaria*, pero en los especímenes de *Abronia* ocurren sólo seis. De acuerdo con las relaciones filogenéticas que presentan estos tres géneros en el análisis realizado por Good (1988a) la presencia de ocho o más nucales fue considerada como la ancestral.

10. Postmentonal. (0) dividida en dos elementos; (1) no dividida. La mayor parte de los especímenes de todos los taxones presentan la postmentonal dividida en dos elementos, excepto el 2% de los especímenes en *Barisia i. imbricata 2*, el 17% en *B. i. ciliaris 2*, 13% en *B. i. ciliaris 3* y 17% en *B. i. ciliaris 4*. A pesar de que en algunas especies de *Mesaspis* existe solo una postmentonal (Good, 1988a), en todos los especímenes examinados de Mesaspis, Abronia y *Elgaria* siempre se encontraron dos postmentonales, por lo que esta última condición se consideró como la ancestral.

11. Hileras transversales de escamas dorsales: (0) 46 en adelante; (1) 45-41; (2) 40-34; (3) 33 o menos. El número de estas hileras se contó a partir de la escama posterior a la occipital hasta el nivel de la cavidad anal. La condición que fue considerada como la ancestral fue la posesión de 46 o más hileras de acuerdo con las condiciones presentes en los grupos externos, a pesar de que en *Abronia* están presentes 33 hileras o menos. El 93% de los especímenes de *Barisia levicollis* presentan la condición ancestral. El 7% de los especímenes de *B. levicollis*, el 17% de *B. i. jonesi*, 5% de *B. i. planifrons*, 7% de *B. i. imbricata* 2, 8% de *B. i. imbricata* 4, 50% de *B. i. ciliaris* 1, 83% de *B. i. ciliaris* 2, 67% de *B. i.* 

ciliaris 3, y 75% de B. i. ciliaris 4, presentaron de 41 a 45 hileras. Además, en B. i. jonesi (83%), B. i. planifrons (95%), B. i. imbricata 2 (93%), B. i. imbricata 4 (92%), B. i. ciliaris 1 (50%), B. i. ciliaris 2 (17%), B. i. ciliaris 3 (33%), B. i. ciliaris 4 (25%) y todos los especímenes de B. i. imbricata 1 y 3, se encuentran de 34 a 40 hileras. Por último, todos los especímenes de B. rudicollis y B. sp. nov. tienen 33 o hileras menos.

12. Número de hileras longitudinales de escamas dorsales: (0) 16; (1) 14; (2) 12. En esta característica, tanto en este estudio como en otros trabajos taxonómicos (Good, 1988a; Campbell y Frost, 1993), se encontró que la condición ancestral es la posesión de 16 hileras o más. Una reducción a 14 hileras o menos ocurre en todos los especímenes de *Barisia rudicollis, B. sp. nov.* y los cuatro conjuntos poblacionales de *B. imbricata*.

13. Número de hileras transversales de escamas ventrales: (0) 53 o más; (1) 52 o menos. El número de estas hileras se contó a partir de la gular anterior hasta la escama anterior a las preanales. Los taxones que presentaron una reducción a 52 hileras o menos fueron *Barisia rudicollis* (82%), *B. sp. nov.* (40%), *B. i. jonesi* (9%), *B. i. imbricata 1* (11%), *B. i. imbricata 2* (3%); *B. i. imbricata* 4 (6%), y *B. i. ciliaris 1* (10%). En los grupos externos, 53 hileras o más fue la condición predominante.

14. Número de hileras longitudinales de escamas ventrales: (0) 12; (1) 14. En todos los especímenes de *Barisia rudicollis* y *B. sp. nov.*, y en el 85% de los especímenes de *Abronia* estuvieron presentes 14 de estas hileras. En el resto de los taxones del grupo interno y en *Mesaspis* y *Elgaria* se presentaron siempre 12 hileras.

15. Nucales Laterales: (0) moderadamente quilladas, no extendidas lateralmente; (1) fuertemente quilladas y extendidas lateralmente. Unicamente Barisia sp. nov y B. rudicollis presentan las nucales laterales fuertemente quilladas y extendidas lateralmente (Figura 7a), mientras que en las demás especies de Barisia las laterales nucales están solo moderadamente quilladas y no se proyectan de manera lateral (Figura 7b). Con respecto a los grupos externos, ninguno presentó una condición semejante a la de B. rudicollis y B. sp. nov. Algunas especies de Abronia poseen escamas nucales laterales fuertemente quilladas (Campbell y Frost, 1993); sin embargo, estas condiciones son estructuralmente distintas.

16. Patrón dorsal de color en adultos: (0) Presente o ausente tanto en hembras como en machos; (1) presente en hembras, ausente en machos: Los machos adultos de *Barisia i. imbricata1, 2, y 4, y B. i. jonesi* generalmente tienen un color dorsal verde olivo uniforme, mientras que las hembras adultas poseen un patrón dorsal que varía tanto individual como geográficamente. En dichas hembras ocurre un color de fondo en la región dorsal que varía de café pardusco a café oscuro, con un patrón de dos bandas verticales más claras, o marcas más claras distribuidas en forma de mosaico por todo el tronco y cola (Figura 8a). En algunos de los taxones incluidos en este estudio también existe dicromatismo sexual en el patrón de color dorsal, aunque en estos casos los machos también presentan un patrón de color (p. ej., *B. rudicollis*, Figura 8b, 8c). En *B. levicollis, B. i. planifrons* y *B. i. planifrons* tanto las hembras como los machos tienen una coloración dorsal que puede variar de café verdusco a verde olivo en ocasiones con bandas transversales más oscuras poco perceptibles, pero en ningún caso con un patrón dorsal como el descrito para las hembras de *B. i. imbricata* y *B. i. jonesi*. Por lo tanto, toda condición diferente a la de un patrón de color presente en hembras y ausente en machos adultos fue considerada como la ancestral.



Figura 3. Contacto nasal rostral: A, Ausente (ej., *Barisia imbricata planifrons*, hembra, MZFC 12546). B, Presente (ej., *B. rudicollis*, hembra, MZFC 12541).



Figura 4. Número de loreales: A, Una (ej., B. i. imbricata, hembra, MZFC 11663). B, Dos (B.sp. nov., macho, MZFC9580). Número de superciliares: A, Tres. B, Cuatro. Dibujo realizado por Adrián Nieto Montes de Oca. L= loreales; S= superciliares.

Figura 5 (parte superior izquierda y derecha) Frontonasal: A, Presente (ej., *Barisia rudicollis*, hembra, MZFC 5358). B, Ausente (ej. *B. imbricata planifrons*, hembra, MZFC 12541). FN = Frontonasales.

Figura 6 (parte media izquierda y derecha). Occipitales: **A**, Tres ej. *Barisia sp. nov.*, macho, MZFC 9580). **B**, Una (ej. *B. levicollis*, hembra CM 90194). Dibujo realizado por Adrián Nieto montes de Oca. Occ = Occipitales.

Figura 7 (parte inferior izquierda y derecha). Hileras longitudinales de nucales: **A**, Seis o menos (ej. *Barisia rudicollis*, macho, MZFC 9586). **B**, Ocho o más (ej., *B. i. imbricata*, hembra, MZFC 11663). Nucales laterales: **A**, Fuertemente quilladas, extendidas lateralmente (ej. *Barisia rudicollis*, macho, MZFC 9586). **B**, moderadamente quilladas, no extendidas lateralmente (*B. i. imbricata*, hembra, MZFC 11663).















## RESULTADOS

#### **ANÁLISIS MORFOLÓGICO**

En el cuadro 3 se muestran los resultados de las evaluaciones hechas a los cinco métodos de codificación de caracteres morfológicos. Los métodos que obtuvieron un menor número de árboles igualmente parsimoniosos fueron el MCD y el MBF, con tres y ocho árboles respectivamente. El índice de consistencia más alto lo obtuvo el MPF (0.778). Los conjuntos completos de datos de todos los métodos tuvieron una PTP significativa de 0.001. El MPF arrojó el mayor índice de g1, seguido por el MCF, aunque no se observó una variación importante de este índice entre los cinco métodos, presentando todos un valor considerablemente significativo. De acuerdo con los criterios establecidos, el árbol consenso de mayoría del MBF obtuvo el mayor número de nodos con altos valores de BTP ( $\geq$  70) y con valores significativos de PTP ( $\leq 0.05$ ).

Cuadro 3.—Evaluación de los métodos de codificación de caracteres morfológicos examinados. CI = caracteres informativos; AMP = número de árboles más parsimoniosos; LAMP = longitud de los árboles más parsimoniosos; IC = índice de consistencia; IgI = índice de gI; BTP = número de clados con BTP  $\ge$  70; PTP = número de clados con PTP significativa ( $\le 0.05$ ). Para el índice de g1, valores negativos ndican mayor signo filogenético.

TIPO DE DATOS	CI	AMP	LAMP	IC	Ig1	BTP	PTP
Cualquier caso estado ancestral (MCA)	12	49	23	0.571	-1.201	1	1
Cualquier caso estado derivado (MCD)	16	3	35	0.583	-0.750	1	1
Binario de frecuencias (MBF)	16	8	24	0.766	-1.219	5	3
Polimórfico (MPF)	16	100	18	0.778	-1.362	2	1
Sólo caracteres fijos (MCF)	8	72	11	0.727	-1.029	1	1

En la Figura 9 se presentan los consensos de mayoría de los árboles más parsimoniosos obtenidos por los cinco métodos. Se decidió presentar los consensos de mayoría y no los consensos estrictos de los árboles obtenidos por los diferentes métodos de codificación con el fin de poder visualizar en ellos el mayor número posible de clados apoyados por valores significativos de BTP y/o PTP. Los consensos del MBF y el MCD presentan una resolución casi total en sus relaciones, mientras que en los demás métodos las relaciones están pobremente resueltas. Como se puede observar en los árboles de los distintos métodos, hay cierta similitud en algunas relaciones entre los consensos de varios de ellos. Sólo un clado es común en los consensos de los cinco métodos, el clado *Barisia rudicollis + B. sp. nov.* El clado con todos los taxones integrantes del complejo *B. imbricata (sensu*


Guillette y Smith, 1982) está presente en cuatro de los cinco métodos (excepto en el MCD). El clado que agrupa a *B. i. imbricata* 1, 2 y 4, y a *B. i. jonesi* está presente en los consensos de todos los métodos excepto en el MPF, en donde se observa una politomía integrada por éstos últimos taxones y además *B. i. ciliaris*, *B. levicollis* y *B. i. planifrons*. Los consensos del MBF y el MCD apoyan la monofilia de *B. i. ciliaris*, con *B. i. ciliaris* 1 como el taxón hermano de los restantes tres conjuntos poblacionales, y *B. i. ciliaris* 4 el taxón hermano de *B. i. ciliaris* 2 + *B. i. ciliaris* 3. Todos los métodos apoyan la monofilia del género *Barisia* excepto el MBF. Con respecto al apoyo de los nodos, sólo el clado *B. rudicollis*+*B. sp. nov.* está fuertemente apoyado en los consensos de todos los métodos al presentar valores de BTP  $\geq$ 70, además de presentar una PTP significativa en todos los métodos, excepto en el MCF. Por último, el clado con el complejo *B. imbricata* estuvo apoyado por un valor de BTP  $\geq$  70 sólo en el MBF.

Las relaciones del árbol consenso de mayoría del MBF (Figura 9), que fue el método mejor calificado de acuerdo con los criterios de evaluación establecidos, son las siguientes: en el nodo más basal se observa una politomía conformada por los siguientes tres grupos: A) (*Abronia* + (*B. rudicollis*+*B. sp. nov.*)) (BTP = 77; PTP), B) los taxones integrantes del complejo *B. imbricata* y *Elgaria* (BTP = 49), y C) *Mesaspis.* Con respecto a las relaciones del segundo grupo, *Elgaria* es el taxón hermano del grupo conformado por los taxones del complejo *B. imbricata* (BTP = 79), los cuales forman una politomía con los siguientes tres grupos: A) una *B. i. ciliaris* monofilética (BTP = 47; PTP); B) (*B. i. planifrons* (*B. i. imbricata* 3 ((*B. i. imbricata* 2 + *B. i. imbricata* 4), *B. i. imbricata* 1, *B. i. jonesi*))) (BTP = 14); y C) *B. levicollis.* 

#### DIVERGENCIA GENÉTICA

El cuadro 4 muestra el número total de diferencias de nucleótidos y los porcentajes de divergencia genética entre cada par de taxones. Incluyendo tanto a los integrantes de los grupos interno como externo, un total 331 (37.6%) de los 878 nucleótidos presentaron variación. El índice de transición/transversión fue en general cercano al 2.5 en todos los modelos de evolución probados para el método de ML. Los niveles de divergencia genética entre los miembros del género *Barisia* fueron siempre más bajos con respecto al presentado con los grupos externos. Dentro de *Barisia*, el intervalo de divergencia fluctuó entre 2.2% (entre *Barisia i. imbricata* 2 y *B. i. imbricata* 3) y 10.2% (entre *B. i. ciliaris* 1 y *B. i. planifrons*), mientras que entre los miembros de *Barisia* y los géneros Abronia, *Mesaspis* y Elgaria el intervalo varió de 15.9% (entre *B. i. ciliaris* 2 y *Mesaspis*) a 19.3% (entre *B. rudicollis* y Abronia).

El porcentaje de divergencia genética fue generalmente mayor entre los taxones nominales del género Barisia (4.1% a 10.2%) que entre las poblaciones examinadas tanto de *B. i. imbricata* como de *B. i. ciliaris* (2.1% a 9.4%, y 3.6% a 6.2%, respectivamente). Los casos más evidentes en que los porcentajes de divergencia genética entre poblaciones de las subespecies antes mencionadas excedieron los porcentajes exhibidos entre taxones nominales involucraron comparaciones de muestras de *B. i. imbricata* 1 con las demás muestras de *B.i. imbricata* (8.9% a 9.4%). Además, entre los taxones *B. i. ciliaris* 2, *B. i. imbricata* 1 y *B. i. jonesi* se presentaron niveles de divergencia genética más bajos que los regularmente observados entre las poblaciones de *B. i. imbricata* y *B. i. ciliaris* (4.1% a 4.9%).

Cuadro 4.—Número total de diferencias de nucleótidos (diagonal superior) y porcentaje de divergencia entre las secuencias de cada par de taxones terminales (diagonal inferior) para los genes ND4 y los tRNA hist, ser y leu. Elg = Elgaria; Abr = Abronia; Mes = Mesaspis; nov = Barisia sp. nov; im2 = B. i. imbricata 2; im3 = B. i. imbricata 3; im4O = B. i. imbricata 4 Oaxaca; Bim4P = B. i. imbricata 4 Puebla; rud = B. rudicollis; ci1 = B. i. ciliaris 1; ci2 = B. i. ciliaris 2; ci3 = B. i. ciliaris 3; im1 = B. i. imbricata 1; jon = B. i. jonesi; pla = B. i. planifrons.

TAXONES	1	2	3_	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1.Elq		134	137	152	149	152	160	155	153	148	150	151	156	157	156
2.Abr	15.2		119	151	152	161	162	156	168	158	151	157	163	160	164
3.Mes	15.6	13.5		145	143	146	157	156	159	143	139	153	147	141	160
4.nov	17.3	17.2	16.5		59	57	60	53	55	76	67	70	78	68	69
5.im2	16.9	17.3	16.3	6.7		19	60	61	61	75	67	78	83	72	80
6.im3	17.3	18.3	16.6	6.5	2.1		60	57	62	75	65	73	78	68	83
7.im4P	18.2	18.4	17.9	6.8	6.8	6.8		34	68	80	67	67	83	75	79
8.im40	17.6	17.7	17.7	6.0	6.9	6.5	3.8		64	74	62	64	81	74	79
9.ruđ	17.4	19.1	18.1	6.2	6.9	7.0	7.7	7.3		72	63	69	71	68	71
10.ci1	16.8	18.0	16.3	8.6	8.5	8.5	9.1	8.4	8.2		46	55	66	62	90
11.ci2	17.1	17.2	15.8	7.6	7.6	7.4	7.6	7.0	7.1	5.2		32	39	36	76
12.ci3	17.2	17.9	17.4	7.9	8.8	8.3	7.6	7.3	7.8	6.2	3.6		45	44	81
13.ıml	17.8	18.6	16.7	8.9	9.4	8.9	9.4	9.2	8.1	7.5	4.4	5.1		81	87
14.jon	17.9	18.2	16.1	7.7	8.2	7.7	8.5	8.4	7.7	7.0	4.1	5.0	4.9		86
15.pla	17.7	18.7	18.2	7.8	9.1	9.4	9.0	9.0	8.1	10.2	8.6	9.2	9.9	9.8	~ _

#### ANÁLISIS DE MTDNA

Para la mayor parte de los individuos se obtuvo un total de 878 posiciones alineadas de nucleótidos de los genes mitocondriales ND4 y de tRNA para hist, ser y leu. No se encontró ninguna ambigüedad en dicha alineación y se encontraron gaps en sólo dos posiciones, por lo que las secuencias completas de todos los taxones se incluyeron en los análisis subsecuentes. El valor de g1 observado para el conjunto completo de datos fue de -1.189, que comparado con el valor crítico para datos al azar (-0.12, P = 0.05; para 15 taxones y 500 o más caracteres con cuatro estados de carácter), indicó la

presencia de señal filogenética significativa en los datos. La técnica de PTP también indicó que el conjunto completo de datos presenta una señal filogenética significativa (PTP = 0.001).

De los 331 sitios de nucleótidos variables, un total de 202 fueron parsimoniosamente informativos. En el análisis de MP sin ponderación de caracteres se obtuvieron dos árboles igualmente parsimoniosos con una longitud de 629. Los árboles tuvieron un índice de consistencia de 0.5466 (excluyendo caracteres no informativos) y un índice de retención de 0.5629. El pesaje sucesivo de caracteres arrojó un solo árbol igual a uno de los dos obtenidos por el anterior análisis, con una longitud de 287.2, un índice de consistencia de 0.803 (excluyendo caracteres no informativos), y un índice de retención de 0.859. Los índices de verosimilitud de los dos árboles inicialmente obtenidos por los métodos de MP fueron luego comparados con cada uno de los seis modelos de evolución previamente escogidos. El árbol que se obtuvo en el análisis con pesaje sucesivo fue el que tuvo el índice de verosimilitud más alto en los seis modelos. De éstos, el modelo GTR + I +  $\Gamma$  tuvo el índice más alto (Cuadro 5). El análisis con el método de ML usando el modelo GTR + I +  $\Gamma$  arrojó un solo árbol idéntico a uno de los obtenidos por el método de MP sin ponderación de caracteres y al obtenido por el método de MP con pesaje sucesivo de caracteres (Figura 10).

Modelo	Índice de verosimilitud (Log negativo)	
JC	4539.901	
K2P	4377.676	
HKY85	4313.904	
HKY85+I	4151.416	
НКҮ85+І+Г	4155.052	
GTR+I+Γ	4136.561	

Cuadro 5. Comparación de los valores de verosimilitud de los seis modelos de evolución probados, y que se obtuvieron a partir de uno de los árboles más parsimoniosos.

De acuerdo con el árbol elegido (Figura 10), los géneros Abronia y Mesaspis aparecen como grupos hermanos (BTP = 82), mientras que la monofilia de Barisia está fuertemente apoyada por un valor de BTP= 100. Arriba, dos grupos son distinguibles dentro del género; A) (B. i. planifrons (B. rudicollis ((B. sp. nov.((B. i. imbricata 2) (B. i. imbricata 3) (B. i. imbricata 4 Pue + B. i. imbricata 4 Oax))))) (BTP = 57) y; B) (B. i. ciliaris 1 (B. i. ciliaris 2 (B. i. ciliaris 3 (B. i. imbricata 1 (B. i. jonesi))))) (BTP=68).



Figura 11. Unico arbol obtenido en el analisis combinado con el metodo de maxima parsimonia sin ponderación de caracteres. Los valores números y las siglas PTP a la izquierda de cada nodo corresponden a valores de BTP (sólo > 70) y valores significativos de la prueba de permutación probabilística (P < 0.05) respectivamente. Cada uno de los nodos del árbol se encuentra númerado (lado derecho de cada nodo).

#### CONGRUENCIA TAXONÓMICA

Como se puede observar en las Figuras 9 (árbol del MBF) y 10, no existe similitud alguna entre las topologías del árbol morfológico y el de mtDNA. No obstante, en la mayor parte de los casos en los cuales se encuentran grupos de taxones bien apoyados en uno de los dos árboles, las agrupaciones alternativas en el otro árbol presentan un débil apoyo. En este caso están tanto *Barisia rudicollis* como *B. sp.nov.*, las cuales aparecen bien apoyadas como taxones hermanos en un clado en el árbol morfológico, mientras que en el árbol de mtDNA sus relaciones con otros taxones están pobremente apoyadas. Lo mismo sucede para los clados *B. imbricata imbricata* 1+ *B. i. jonesi*, y el clado que contiene a *B. i. imbricata* 2, 3, 4 Oax. y 4 Pue., que están fuertemente apoyados en el árbol de mtDNA, mientras que en el árbol morfológico las relaciones alternativas de estos taxones están pobremente apoyadas. Con respecto a las relaciones entre las diversas poblaciones de *Barisia imbricata* en el árbol morfológico, o no se encuentran completamente resueltas, o están pobremente apoyadas debido al escaso número de caracteres incluido en el análisis. El caso contrario sucede con el árbol de mtDNA, en el cual el gran número de caracteres examinados permite resolver y dar un fuerte apoyo a los diferentes clados en donde se encuentran las poblaciones de *B. imbricata*.

#### **DATOS COMBINADOS**

Los datos obtenidos de la combinación de los dos conjuntos de datos consistieron de 894 caracteres registrados en todos los taxones terminales excepto *Barisia levicollis* y *B. imbricata ciliaris* 4, en los cuales se codificaron como faltantes los datos de mtDNA. Debido a que la codificación de los caracteres morfológicos se realizó con el MBF, todos los caracteres de mtDNA se pesaron por 24 para que el cambio de un nucleótido tuviera el mismo peso que un cambio en la frecuencia de 0 a 100% de un carácter morfológico (Wiens y Reeder, 1997). La longitud del árbol más parsimonioso fue dividida entre 24 para hacerla comparable con los otros análisis. El conjunto de datos combinados arrojó un valor observado de *g1* de -1.343, mientras que el valor crítico para cuatro estados de carácter en 15 o más taxones y 500 o más caracteres es de 0.10 (P = 0.05), lo que indica que los datos tienen una señal filogenética significativa. La técnica de PTP también mostró la existencia de señal filogenética en los datos (P = 0.001). Un total de 218 caracteres fueron parsimoniosamente informativos, de los cuales 16 fueron morfológicos y 202 moleculares. El análisis de parsimonia con una búsqueda de branch and bound dio por resultado un sólo árbol (Figura 11) con una longitud de 660, un índice de consistencia de 0.5487 (excluyendo caracteres no informativos), y un índice de retención de 0.5708.

El árbol combinado (Figura 11) es muy similar al árbol obtenido con los datos de mtDNA (Figura 10). No obstante, con la adición de los datos morfológicos se observan dos diferencias entre las topologías de los árboles combinado y de mtDNA. En el árbol combinado, *B. rudicollis* se encuentra en una posición más derivada y *B. i. ciliaris* 1 está en un clado más basal con respecto al árbol de mtDNA. Para el caso de *B. rudicollis*, la adición de la información morfológica da un fuerte apoyo a la relación de esta especie como hermana de *B. sp. nov*. (BTP = 94; PTP). No así sucede en el caso de *B. i. ciliaris* 1, en el que los datos morfológicos no ayudaron a dar apoyo en el árbol combinado en sus relaciones con otros taxones.

A continuación se describe la topología del árbol combinado (Figura 11) y se mencionan los caracteres morfológicos y el número de sinapomorfias moleculares que apoyaron consistentemente a varios de sus nodos. Los caracteres morfológicos se consideraron consistenes sólo si presentaban un cambio grande en su frecuencia (al menos 0.75 pasos), ya que los cambios pequeños en la frecuencia de los caracteres están más sujetos a error de muestreo y proveen una evidencia frágil de las relaciones entre taxones, aunque son importantes en la determinación del árbol final (Wiens y Reeder, 1997). Debido a que para dos taxones los datos de mtDNA fueron codificados como faltantes (*Barisia levicollis y B. imbricata ciliaris* 4), varias de las sinapomorfias de este tipo de datos están optimizadas ambiguamente.

En la base del árbol (clado 1) aparece una politomía entre *Elgaria*, el clado *Abronia+Mesaspis*, y *Barisia* como grupo monofilético. Los géneros *Abronia* y *Mesaspis* (BTP = 82) comparten 33 sinapomorfias de DNA (clado 2). Por otro lado, la monofilia del género *Barisia* (BTP = 97) está fuertemente apoyada por 68 sinapomorfías de mtDNA y las siguiuentes sinapomorfías morfológicas: fusión de la postnasal superior con la supranasal, ausencia de frontonasal, y cuatro superciliares o menos. Dentro de *Barisia*, el taxón más basal es *B. levicollis*, seguido por *B. imbricata ciliaris* 1 (BTP = 59). El grupo hermano de esta es el clado 5 (BTP = 22), el cual se divide en los subclados 6 y 12.

En el clado 6 (BTP = 50) está apoyado por 18 sinapomorfias de mtDNA. En este clado, *B. i.* planifrons es el taxón más basal seguido por el clado 7 (BTP = 72), cuyos miembros comparten 10 sinapomorfias de mtDNA. A su vez, el clado 7 comprende dos clados: el clado 8, con *B. rudicollis* como taxón hermano de *B. sp. nov.* (BTP = 94; PTP) compartiendo dos sinapomorfias de mtDNA y cinco morfológicas (contacto nasal-rostral, fusión de la postnasal con la loreal anterior, cuatro superciliares, 33 hileras transversales de dorsales o menos, y nucales laterales fuertemente quilladas y extendidas lateralmente), y el clado 9, con *B. i. imbricata* 2, 3, 4 Oax. y 4 Pue., compartiendo ocho sinapomorfias de mtDNA (BTP = 76). El clado 12 (BTP = 78) está apoyado por nueve sinapomorfías de mtDNA. Dicho clado se divide en dos, el clado 13, con *B. i. ciliaris* 2, 3 y 4 (BTP = 46), y el clado 15, con *B. i. jonesi* y *B. i. imbricata* 1 (BTP = 98; PTP). El clado 13 está apoyado por dos sinapomorfías de mtDNA, la postmentonal dividida, y 41-45 hileras transversales de dorsales. Por último, en el clado 15 *B. i. imbricata* 1 es el taxón hermano de *B.i. jonesi* (BTP = 98; PTP) compartiendo cuatro sinapomorfías de mtDNA.

En el árbol combinado sólo se encuentran dos partes que están en conflicto entre los árboles separados y que están fuertemente apoyadas en estos por valores significativos de BTP y/o PTP. Una de éstas áreas se localiza en el clado 13, integrado por *Barisia imbricata ciliaris* 2, 3 y 4. Mientras que en el árbol de mtDNA aparece un clado fuertemente apoyado con *Barisia imbricata ciliaris* 2 y 3, *B. i. imbricata* 1 y *B. i. jonesi* (BTP = 92), en el árbol morfológico aparece de manera consistente *B. i. ciliaris* como monofilético (PTP). Debido a la considerable diferencia en el número de datos, la resolución del árbol combinado es similar a la del árbol de mtDNA, aunque no hubo ninguna sinapomorfía morfológica que respaldara dicha resolución. Por lo tanto, esta parte del árbol combinado se considera como no resuelta debido al conflicto entre los árboles separados y a la carencia de sinapomorfías morfológicas que apoyen su resolución.

En la otra parte problemática del árbol combinado, el árbol de mtDNA apoya la monofilia de *Barisia* (BTP = 100), pero el árbol morfológico apoya el clado que hace a este género polifilético (BTP = 79), con (*B. rudicollis* + *B. sp. nov.*) como grupo hermano del género *Abronia* (BTP = 100). No obstante, a diferencia del primer conflicto, en este caso el árbol combinado se ve apoyado tanto por un gran número de nucleótidos como por tres sinapomorfías morfológicas consistentes. En el árbol morfológico, el clado que agrupa a *B. rudicollis*, *B. sp. nov.* y *Abronia* está también apoyado por tres sinapomorfías consistentes (con un cambio en frecuencia ≥ 0.75 pasos), pero en este caso dicha resolución se ve favorecida además por dos sinapomorfías inconsistentes (con un cambio en frecuencia < 0.75 pasos). Dado que la resolución del árbol combinado está apoyada por un considerable número de sinapomorfías de mtDNA y además por tres sinapomorfías morfológicas consistentes, se prefirió considerar a *Barisia* como monofilético, esperando que otros datos refuercen esta hipótesis.

#### LÍMITES ENTRE ESPECIES

La hipótesis del análisis combinado apoya la monofilia del género Barisia. Algunos autores han sugerido que B. rudicollis pudiera en realidad pertenecer al género Abronia debido a que han observado algunas similitudes morfológicas entre ambos (Tihen, 1949b; Good, 1988a). En este estudio se encontraron 68 sinapomorfias de mtDNA además de tres sinapomorfias morfológicas que ubican contundentemente a B. rudicollis y B. sp. nov dentro del género Barisia. Las sinapomorfias morfológicas que definen a Barisia de los demás géneros de gerrhonotinos son (1) la fusión de la postnasal superior con la supranasal; (2) ausencia de frontonasal; y (3) presencia de cuatro o menos superciliares. Por otra parte, cinco convergencias morfológicas existen entre éstas últimas dos especies y las especies del género Abronia. Entre dichas convergencias, la reducción a seis hileras longitudinales de ventrales son condiciones que se encuentran fijas o en un alto porcentaje.

Con la hipótesis filogenética obtenida, el conocimiento recabado de las relaciones geográficas y el diagnóstico morfológico y de mtDNA que presentan los diferentes taxones evaluados, se pueden distinguir ocho especies evolutivas dentro del género *Barisia*. A pesar de que las características de morfología externa de los taxones asignados previamente al complejo *Barisia imbricata* están considerablemente conservadas, estos no conforman un grupo monofilético. En el taxón polifilético *B. imbricata* se pueden distinguir al menos cinco especies, entre las que se encuentran sus cuatro formas reconocidas así como la población procedente de Manantlán, Jalisco. Además, las especies *B. rudicollis* y *B. sp. nov.* presentan una marcada diferenciación tanto morfológica como de mtDNA, mientras que *B. levicollis* posee características morfológicas distintivas consistentes. Por último, el conflicto entre los análisis separados mantiene por el momento a las poblaciones más sureñas de *Barisia ciliaris* (poblaciones procedentes de Querétaro e Hidalgo) dentro de este taxón. A continuación se describe la distribución geográfica así como el diagnóstico morfológico y/o de mtDNA de las especies que conforman al género *Barisia.* 

Barisia ciliaris.—La distribución de esta especie es la más amplia del género, abarcando las siguientes provincias morfotectónicas: región central de la provincia de la Sierra Madre Occidental en los estados de Zacatecas y Durango, parte noreste de la Sierra Madre Oriental en los estados de Coahuila y Nuevo León, y algunas de las sierras de la Meseta Central en los estados de Guanajuato, San Luis Potosí, Querétaro y norte de Hidalgo. Barisia ciliaris se distingue morfológicamente de las demás

especies del género principalmente por presentar usualmente de 40 a 45 hileras transversales de dorsales.

Al parecer, Barisia ciliaris es alopátrica con respecto a las demás especies de Barisia, excepto B. imbricata y B. levicollis, en donde sus relaciones con estas especies aún resultan inciertas. La relación geográfica entre B. ciliaris y B. imbricata se menciona más adelante. En el caso de B. levicollis, los registros consultados en este estudio indican que esta especie y B. i. ciliaris pueden ser alopátricas. Mientras que los registros confiables más norteños para B. ciliaris proceden del centro y norte del estado de Durango, B. levicollis habita sólo hasta el sur de la Sierra Tarahumara. No obstante, Guillette y Smith (1982) mencionan que la distribución de B. ciliaris alcanza hasta Chihuahua, con base en un espécimen examinado (AMNH 1945) de localidad imprecisa "Chihuahua" y dos especímenes referidos en la literatura procedentes de la Sierra del Nido, al norte de la ciudad de Chihuahua. En este estudio se examinó el espécimen AMNH 1945, así como un espécimen de la Sierra del Nido (CM 90194) diferente a los dos mencionados por Guillette y Smith (1982). El primer ejemplar correspondió con las características de B. ciliaris, pero el segundo resultó ser un ejemplar típico de B. levicollis. Debido a que la localidad del ejemplar AMNH 1945, recolectado entre 1903 y 1904, resulta ambigua, y el espécimen examinado de la Sierra del Nido es una B. levicollis típica, parece ser que la distribución de B. ciliaris está restringida hasta el norte del estado de Durango, aunque futuras recolectas permitirán saber si B. ciliaris ocurre también en la Sierra del Nido y por lo tanto es simpátrica con B. levicollis.

Barisia imbricata.—Tres de los cuatro conjuntos poblacionales asignados previamente a B. i. imbricata (B. i. imbricata 2, 3 y 4) conforman un grupo monofilético genéticamente diferenciado por ocho sinapomorfias de mtDNA de los demás miembros del género. A pesar de que no se examinaron exhaustivamente muestras de DNA ni ejemplares de toda el área de distribución de B. i. imbricata sensu Guillette y Smith (1982) (p. ej., especímenes procedentes del estado de Michoacán), aquí se sugiere considerar como conespecíficas a todas las poblaciones de B. imbricata procedentes de la Provincia del Eje Neovolcánico Transversal así como de la parte norte de la subprovincia de las Tierras Altas de Oaxaca y Puebla en la provincia de la Sierra Madre del Sur. Por lo tanto, la distribución de B. imbricata abarca poblaciones pertenecientes a los estados de Michoacán, Estado de México, D. F., Morelos, Hidalgo, Tlaxcala, Veracruz y Puebla, así como el extremo norte de la subprovincia de las Tierras Altas de Oaxaca y Puebla, en la provincia de la Sierra Madre del Sur. Con respecto a las poblaciones del estado de Jalisco que se encuentran al este de la población de Manantlán, futuros estudios permitirán conocer si éstas pertenecen o no a *B. imbricata*.

Las relaciones geográficas entre Barisia imbricata y las demás especies de su género sólo se conocen parcialmente. Al parecer, esta especie podría estar en simpatría en algunas regiones con B. rudicollis y/o B. sp. nov. Se han recolectado ejemplares de B. imbricata y B. rudicollis en Valle de Bravo, Hacienda de La Gavia y Zempoala, localidades ubicadas en el Estado de México; mientras que B. sp. nov. ocurre en localidades muy cercanas a Zempoala y Tepoztlán, en las cuales también se han recolectado especímenes de B. imbricata. Con respecto a B. ciliaris, las relaciones geográficas entre B. imbricata y ésta última no se conocen aún bien. Dichas especies podrían ser parapátricas o bien simpatricas, pues éstas habitan en áreas cercanas dentro del estado de Hidalgo. Las relaciones geográficas entre B. imbricata y B. planifrons se discuten más adelante.

Barisia especie Manantlán.—Aunque no se observaron diferencias morfológicas considerables entre los ejemplares de los cuatro conjuntos poblacionales de *B. i. imbricata*, la población procedente de Manantlán, en la parte extrema suroeste del estado de Jalisco, mostró un fuerte diagnóstico genético con respecto a las demás poblaciones, apareciendo en la hipótesis filogenética escogida en un clado distinto al de aquellas, y teniendo como su especie hermana a *B. jonesi*. Esta hipótesis de relaciones parece coincidir con la cercanía en la procedencia geográfica de *B. jonesi* y *B. sp.* Manantlán, ya que ambos taxones ocurren dentro de la provincia de la Sierra Madre del Sur. Debido a lo anterior, se decidió considerar a la población de Manantlán como un linaje independiente de *B. imbricata* debido a su diagnóstico con datos de mtDNA, además de distinguirse morfológicamente de *B. jonesi* al poseer 14 hileras longitudinales de dorsales (16 en *B. jonesi*), y genéticamente por un total de 23 autapomorfías de mtDNA.

Barisia jonesi.—La distribución de esta especie está restringida únicamente a la Sierra de Coalcomán, al noroeste del estado de Michoacán, región que forma parte de la subprovincia de las Cordilleras y Cuestas del Pacífico, en el extremo norte de la provincia de la Sierra Madre del Sur. Barisia jonesi es alopátrica del resto de los miembros del género, encontrándose la especie más cercana, B. imbricata, en regiones al noreste de la Sierra de Coalcomán que forman parte ya de la Provincia del Eje Neovolcánico Transversal (Guillette y Smith, 1982). A pesar de que B. jonesi no posee autapomorfias morfológicas, ésta muestra una diagnóstico genético considerable (20 autapomorfías de mtDNA).

Barisia planifrons.—Barisia planifrons habita exclusivamente en algunas localidades de la Sierra de Juárez, la cual forma parte de la zona de las Cordilleras nororientales de la subprovincia de Zonas de Tierras Altas de Oaxaca-Puebla, en la parte central de la provincia de la Sierra Madre del Sur. Genéticamente, esta especie posee un total de 42 autapomorfias de mtDNA. Barisia planifrons es alopátrica con respecto a las demás especies de Barisia, excepto posiblemente de B. imbricata. Existe en la literatura el registro de dos especímenes intergrados entre estas dos especies. Aunque en este estudio no se pudieron examinar dichos intergrados, resulta probable la existencia de una zona de contacto entre B. imbricata y B. planifrons, ya que se han recolectado especímenes de ambas especies en localidades cercanas en la parte noroeste de la Sierra de Juárez, en el norte del estado de Oaxaca (Guillette y Smith, 1982; Canseco-Márquez, 1996).

Barisia levicollis.—La distribución de B. levicollis abarca la parte noroeste de la provincia de la Sierra Madre Occidental, incluyendo la Sierra Tarahumara y la Sierra del Nido. A pesar de que no se contó con datos de mtDNA para esta especie, B. levicollis presenta dos características morfológicas consistentes que la distinguen de los demás miembros del género: la presencia de una sola escama superciliar y 46 o más hileras transversales de dorsales. Al parecer, Barisia levicollis es alopátrica con respecto a las demás especies del género (ver arriba).

Barisia rudicollis.—Esta especie, junto con B. sp. nov., son las especies morfológicamente más diferenciadas del género. Barisia rudicollis ocurre en algunos bosques mesófilos de la parte central de la provincia del Eje Neovolcánico Transversal en los estados de México y Michoacán. Aunque morfológicamente es parecida a B. sp. nov., los datos de secuenciación sugieren una relación menos estrecha entre ambas especies. Barisia rudicollis se distingue por presentar un total de 35 autapomorfias de mtDNA, y por la presencia de algunas características de escamación y del patrón de color (Zaldívar-Riverón y Nieto-Montes de Oca, en prep.).

Barisia sp. nov.—Algunos especímenes de esta especie fueron depositados recientemente en algunas colecciones mexicanas, y asignado erróneamente a *B. rudicollis* (Zaldívar-Riverón y Nieto-Montes de Oca, en prep.). Barisia sp. nov.se distribuye en algunas localidades situadas en el extremo

noroeste del estado de Morelos y áreas adyacentes del Estado de México, así como en la parte noroeste de Morelos cercana al volcán Popocatépetl dentro de la parte central de la provincia del Eje Neovolcánico Transversal. Aunque morfológicamente parece estar más relacionada con *B. rudicollis*, los datos de secuenciación de mtDNA indican a *B. imbricata* como su especie hermana. *Barisia sp. nov*. se distingue morfológicamente del resto de las especies del género por presentar dos gulares anteriores y usualmente tres escamas en la región orbital de la primera hilera de temporales (Zaldívar-Riverón y Nieto-Montes de Oca, en prep.), además de poseer un total de 23 autapomorfias de mtDNA.

#### **IMPLICACIONES FILOGEOGRÁFICAS**

En las Figuras 12 y 13 se encuentra la hipótesis de relaciones preferida del género Barisia junto con la provincia de procedencia de cada una las poblaciones examinadas. En general, las relaciones filogenéticas entre las diferentes poblaciones son congruentes con su distribución geográfica, pero no así con su taxonomía actual. Barisia levicollis es la especie más basal, aunque únicamente de acuerdo con información morfológica, tienendo la distribución más norteña del género al ocurrir en la parte noroeste de la provincia de la Sierra Madre Occidental. El grupo hermano de B. levicollis es un clado que incluye a dos grupos cuyas distribuciones geográficas se excluyen mutuamente. En uno de los grupos están contenidas las poblaciones de Barisia que se distribuyen en las provincias del Eje Neovolcánico Transversal y parte central de La Sierra Madre del Sur (Barisia imbricata, B. rudicollis, B. sp. nov. y B. planifrons); mientras que en el otro grupo están las poblaciones que ocurren en las provincias de la Sierra Madre Occidental, Sierra Madre Oriental, Meseta Central y parte noroeste de la Sierra Madre del Sur (B. ciliaris, B. sp. Manantlán y B. jonesi). Dentro de este último grupo, la relación de especies hermanas entre B. jonesi y B. sp. Manantlán resulta congruente con su procedencia y confirma la polifilia de B. i. imbricata, ya que ambas ocurren dentro de la provincia de la Sierra Madre del Sur. La distribución y diferenciación genética entre los diferentes linajes de Barisia indica que este género pertenece a la categoría filogeográfica I ("Árbol genético profundo"; Avise, 2000). Esta categoría se caracteriza por la presencia de diferentes grupos espacialmente bien delimitados y separados por distancias genéticas considerables, siendo común en taxones ampliamente distribuidos que presentan una dispersión y flujo génico bajos (Avise, 2000).





Figura 13. Distribución y filogeografía de las especies del género Barisia reconocidas en este estudio. 1. B. imbricata planifrons (S. M. del Sur en Sierra de Juárez); 2. B. i. imbricata; 3. B. sp. nov. (Eje Neovolcánico T.). 4. B. rudicollis (Eje Neovolcánico T.). 5. B. i. ciliaris; 6. B. i. jonest (S. M. Sur); 7. B. sp. Manantlán (S. M. Sur). 8. B. levicollis (S. M. Occidental). \* Para el caso de B. i. imbricata, su distribución abarca diversas regiones a lo ancho de la Provincia del Eje Neovolcánico T.; para el caso de B. i. ciliaris, su distribución abarca varias regiones de las provincias de la Sierra Madre Oriental, Sierra Madre Occidental y el Altiplano Mexicano. ? = población de B. i. ciliaris ubicada en Querétaro, al sur de la Provincia del Altiplano Mexicano (ver explicación en texto).

A pesar de que a la fecha no se ha estimado la tasa de evolución molecular para la región de mtDNA aquí examinada, la tasa de evolución molecular de otros fragmentos de mtDNA ha sido estimada para lagartijas agámidas y ranas bufónidas como de 0.65-0.69% de cambio por millón de años (Macey et al., 1998a, b). Dicha tasa se ha aplicado además para secuencias del mismo fragmento de mtDNA de cinco de los seis géneros existentes de gerrhonotinos (Barisia, Abronia, Mesaspis y Elgaria; Macey et al., 1999). Debido a que los porcentajes de divergencia genética intergenérica encontrados en el trabajo de Macey et al. (1999) y en el presente estudio resultan similares, se decidió emplear como referencia la tasa de evolución mencionada anteriormente. Considerando esto último, probablemente el evento de ramificación que separó al género Barisia de su grupo hermano (Abronia + Mesaspis) pudo haber ocurrido durante el Mioceno medio, hace aproximadamente 12.8 millones de años. Con respecto al género Barisia, los datos sugieren que el evento de divergencia que dio lugar a los dos grandes clados observados en la hipótesis preferida, el cual separa a las poblaciones de la Sierra Madre Occidental, Altiplano Mexicano y parte noroeste de la Sierra Madre del Sur de las poblaciones del Eje Neovolcánico Transversal y porción central de la Sierra Madre del Sur (Sierra de Juárez), posiblemente ocurrió durante el Mioceno tardío, hace aproximadamente 6.8 millones de años. Con respecto a los eventos de divergencia entre las demás especies de Barisia, estos parecen haber ocurrido entre el Mioceno tardío y Plioceno tardío (5.3-3.6 millones de años aprox.).

Las especies *Barisia rudicollis*, *B. sp. nov* y *B. planifrons* presentan una mayor diferenciación genética con respecto a los demás miembros. En el caso de las dos primeras especies, esta diferenciación genética concuerda con su marcado diagnóstico morfológico, mientras que en el caso de *B. planifrons* aparentemente la evolución entre los niveles fenotípico y genotípico tal vez se encuentra desfasada, ya que aunque diverge considerablemente en su mtDNA no presenta un claro diagnóstico morfológico con respecto a las demás especies de *Barisia* antiguamente ubicadas dentro de *B. imbricata*. Por último, la población de *B. i. imbricata* procedente de Manantlán, Jalisco, diverge genéticamente más de las demás poblaciones de esta subespecie que de *B. i. jonesi* y las poblaciones de *B. i. ciliaris* provenientes de la Sierra Madre Occidental y la parte norte del Altiplano Mexicano. Esta última evidencia respalda al análisis combinado, el cual sugiere la polifilia de *B. i. imbricata* y la cercana relación filogenética entre la población de Manantlán *B. jonesi* y *B. ciliaris*.

Las discontinuidades filogeográficas presentes entre las especies del género *Barisia* (linajes alopátricos genéticamente bien diferenciados) pueden ser explicadas a través de la hipótesis que sugiere

la ocurrencia de varios eventos de expansión/contracción de los bosques templados en la región que actualmente ocupa México (Toledo, 1982). Dicha hipótesis señala que varios tipos de bosques de regiones templadas procedentes de norteamérica se expandieron en gran parte de México debido a descensos de temperatura que se manifestaron en todo el planeta durante el Eoceno tardío, Mioceno medio a tardío, y Pleistoceno. Estos drásticos cambios climáticos, aunados a una compleja historia geológica que ha provocado diversos cambios fisiográficos, sugiere la existencia en el pasado de una efímera biota ancestral contínua que se contrajo después dando lugar un incremento en la tasa de especiación vía vicarianza de diversos grupos de organismos, lo cual explica el alto nivel de endemismo presente en las tierras altas de América Central (Graham, 1993).

A partir de esta historia de vicarianza pleistocénica es posible hacer una interpretación biogeográfica con las relaciones filogenéticas del género *Barisia*. En primer lugar, *B. levicollis* aparece como el miembro más basal del género y la especie con distribución más norteña, lo que sugiere un aislamiento faunístico de la provincia de la Sierra Madre del Sur con respecto al resto de las provincias, aunque debido a la carencia de información de mtDNA para esta especie dicha inferencia queda pendiente. En segundo, las tres especies de *Barisia* que ocurren en la provincia del Eje Neovolcánico Transversal están agrupadas en un clado y son el grupo hermano de *B. planifrons*, que habita en la subprovincia de las tierras altas de Oaxaca y sureste de Puebla, en la parte central de la provincia de la Sierra Madre del Sur, lo que sugiere la existencia de una afinidad faunística entre estas dos regiones. En tercero, la agrupación de las poblaciones de *B. ciliaris* en un mismo clado, excepto la población más sureña, sugiere una afinidad faunística entre las provincias del Altiplano Mexicano, Sierra Madre Occidental y Sierra Madre Oriental. Por último, dichas poblaciones de *B. ciliaris* aparecen como grupo hermano del clado conformado por *B. jonesi* + *B. sp.* Manantlán, indicando una afinidad faunística entre las provincias antes mencionadas con la parte noroeste de La Sierra Madre del Sur.

# DISCUSIÓN Análisis morfológico

La variación intraespecífica, ya sea morfológica, molecular o a cualquier otro nivel, ha sido tradicionalmente excluida de los análisis filogenéticos debido a que se cree es menos confiable en las inferencias filogenéticas (Mayr, 1969) y por la dificultad que presenta para poder ser codificada (Wiley, 1981). No es sino hasta años recientes que se ha comenzado a investigar de manera formal la importancia de la inclusión de caracteres polimórficos en estudios filogenéticos, observándose que a pesar de que ellos pueden incrementar el nivel de homoplasia, también proveen de información filogenética valiosa que frecuentemente da lugar a una mayor resolución en el árbol obtenido (p. ej. Campbell y Frost, 1993; Wiens, 1995, Wiens y Servedio, 1997; Wiens, 1998a).

Recientemente, Kornet y Turner (1999) establecieron dos interpretaciones sobre el inicio de un nuevo estado de carácter para los diferentes métodos de codificación de polmorfismos, un inicio suave y un inicio duro. En el inicio suave el comienzo de un nuevo estado de carácter se cuenta a partir del origen de una novedad evolutiva, mientras que en el inicio duro tal comienzo sólo se considera hasta que el estado de carácter se encuentra fijo. De acuerdo con estos autores, los métodos de codificación de polimorfismos basados en un inicio suave de los estados de carácter dan lugar a la introducción de reversiones que usualmente dan por resultado cladogramas incompatibles con la filogenia verdadera, mientras que los métodos basados en un inicio duro de dichos estados dan lugar a cladogramas que se ajustan mejor con la filogenia verdadera.

Cuatro de los cinco métodos de codificación de caracteres aquí probados para datos morfológicos incorporan caracteres polimórficos. De estos cuatro métodos, dos consideran un inicio suave de los estados de carácter (MBF y MCD), mientras que los otros dos consideran un inicio duro (MCA y MPF). Los resultados obtenidos apoyan ampliamente los estudios realizados por Wiens (1995) y Wiens y Servedio (1997), quienes indican que la exclusión de caracteres polimórficos decrementa en gran medida la resolución del árbol obtenido, lo cual es evidente al observar la pobre resolución que presenta el árbol del MCF. En contraste con lo sugerido por Kornet y Turner (1999), el método mejor calificado fue del tipo inicio suave, el MBF. Lo anterior concuerda con estudios de Wiens (1995; 1998a), en los cuales encontró al MBF como el método más indicado para codificar datos polimórficos después de haber usado varios criterios diferentes en la evaluación (entre cllos dos de los estadísticos aquí empleados: *g1* y BTP) de diversos métodos. Sin embargo, Murphy y Doyle (1998) señalaron que

los criterios de decisión usados en este estudio resultan ambiguos e impropios para evaluar el desempeño de un método de codificación, y argumentaron que el MCIED es el más apropiado para codificar polimorfismos ya que, a diferencia del MBF, no viola *a priori* ningún supuesto básico de la sistemática filogenética, además de que cumple con las expectativas realistas tanto metodológica (p.ej., es aplicable a todas las formas de caracteres potencialmente informativos) como biológicamente (p. ej., al codificar, ordenar y polarizar los estados de caracter no viola los supuestos de la herencia Mendeliana).

Aunque el uso de los polimorfismos cada vez se encuentra más justificado, indudablemente la ineficacia que presentan las técnicas estadísticas para poder inferir la robustez de un árbol representa el principal obstáculo al decidir cual de los diferentes métodos de codificación de polimorfismos es el más adecuado. Tal ineficacia se ve plasmada en las críticas que han recibido tanto las técnicas empleadas para evaluar el apoyo de los nodos como las que evalúan la señal filogenética dentro de un conjunto de datos, aunque el uso de ambas ha sido propiciado por la ausencia de mejores alternativas. La técnica de BTP ha sido criticada principalmente por considerar que los caracteres están distribuidos de manera idéntica e independiente. lo cual no sucede en conjuntos de datos reales (Murphy y Doyle, 1998), además de que se ha señalado que ésta no puede ser comparable entre conjuntos de datos distintos (Hillis y Bull, 1993). Por otra parte, con respecto a la técnica estadística de g1, se ha mencionado que ésta resulta inapropiada para evaluar la señal filogenética en un conjunto de datos debido a que el sesgo en la curva de distribución de las longitudes de los árboles tomados al azar es muy sensitivo a las frecuencias de los estados de carácter, además de no ser sensitivo al número de caracteres adicionados (grado de corroboración) (Källersjö et al., 1992). Por último, la decisión sobre cual de las dos interpretaciones existentes sobre el inicio de un nuevo estado de carácter (inicio suave o inicio duro) es la correcta representa una controversia de tipo filosófico en la elección del método de codificación de polimorfismos.

La presente investigación apoya los resultados obtenidos en otros estudios (Wiens, 1995; Wiens y Servedio, 1997; Wiens, 1998a), en los cuales se establece que incorporando las frecuencias de las características dentro de los taxones, esto es, usando el MBF, se incluye un mayor número de caracteres que potencialmente pueden ser filogenéticamente informativos. No obstante, aún resulta controvertida la idea de que el MBF da lugar a hipótesis filogenéticas más robustas con respecto a los demás métodos, ya que a pesar de que generalmente obtiene en varias técnicas estadísticas valores

considerablemente superiores, a la vez da lugar a la inclusión de altos niveles de homoplasia que indudablemente incrementan ruido en el análisis (Wiens y Servedio, 1997). Wiens (1995) reconoció que la superioridad del MBF en las técnicas estadísticas radica en gran medida en el extenso ordenamiento impuesto en los caracteres examinados (en el MBF cada carácter posee 24 estados que representan la frecuencia de su condición derivada). En esta investigación también se apreció que el MBF incorpora altos niveles de homoplasia, ya que a pesar de que éste tuvo tres caracteres consistentes ( $\geq 0.75$  pasos) que apoyaban a un *Barisia* monofilético, otros cinco caracteres, dos de ellos inconsistentes (< 0.75 pasos), inclinaron esta parte del árbol a favor de la polifilia de este género. Aunque se ha mostrado que la robustez de un análisis de parsimonia generalmente aumenta rápidamente al adicionar más caracteres (Hillis *et al.*, 1994; Wiens, 1995), la adición de polimorfismos a la información morfológica aquí recabada resulta insuficiente para obtener una resolución total así como una mayor robustez en el árbol obtenido.

#### ANÁLISIS DE MTDNA

La hipótesis de relaciones preferida para los datos de mtDNA, que fue obtenida con el método de ML usando el modelo GTR + I +  $\Gamma$ , parece estar apoyada tanto por los dos análisis de MP como por los diferentes modelos de evolución probados, ya que en todos ellos se obtuvo la misma topología. Sin embargo, a pesar de que tanto el método de ML como el de MP dieron por resultado una misma topología, cada uno de ellos posee su particular marco conceptual y teórico. Por un lado, el método de MP busca encontrar la topología que minimize el conflicto entre caracteres, y escoge como la mejor estimación filogenética la topología que tenga el menor número de sustituciones necesarias para explicar el patrón de sitios observado (Yang, 1996; Nei, 1996). Por otra parte, el método de ML busca no sólo la topología sino también la longitud de ramas y parámetros del modelo de sustitución de nucleótidos que con más alta probabilidad puedan generar los datos observados (Sullivan *et al.*, 1997).

El uso del método de MP para el análisis de datos de secuenciación de nucleótidos ha sido criticado principalmente por que no toma en cuenta aspectos concernientes al proceso de evolución de las secuencias, dando lugar en ocasiones a árboles equivocados (Yang, 1996). Salvo en casos en que la cantidad de evolución es pequeña y la tasa de evolución es más o menos constante entre linajes, lo cual ocurre sólo en los modelos de evolución más sencillos, el método de MP puede ser una aproximación aceptable (Felsenstein, 1988). Así, en diversos estudios en los que se han comparado varios métodos de reconstrucción filogenética mediante simulaciones por computadora, el método de MP no ha resultado

muy exacto, aunque haya dado un árbol con la mayoría de sus parte fuertemente apoyadas, siendo generalmente el método de ML preferible sobre los demás (p. ej., Tateno *et al.*, 1994; Saitou y Imanishi, 1989; Yang, 1994; Huelsenbeck, 1995). No obstante, las estimaciones filogenéticas correctas con el método de ML dependen primordialmente del modelo de evolución de nucleótidos empleado y de sus parámetros aplicados (Yang *et al.*, 1995), por lo que resulta necesario justificar la selección de un modelo de evolución antes de efectuar una búsqueda con el método de ML. En este estudio, el modelo y los parámetros de evolución GTR + I +  $\Gamma$  se seleccionaron con base en procedimientos que intentan aplicar criterios objetivos de decisión, tales como la investigación del índice de verosimilitud de los árboles resultantes de un análisis con el método de MP (ver Sullivan et al, 1997; Wiens *et al.*, 1999).

#### **ANÁLISIS COMBINADO**

Actualmente, con la disponibilidad para recopilar información filogenética a partir de una amplia variedad de fuentes, ha surgido dentro de la sistemática un intenso debate con respecto a si diferentes conjuntos de datos deben ser analizados de manera combinada o separada. Algunos autores consideran que los análisis combinados, también llamados de evidencia total, producen las hipótesis filogenéticas más confiables, ya que su uso aprovecha la señal filogenética a diferentes niveles jerárquicos complementarios, lo cual puede dar una resolución total, y por lo tanto, reconocer a grupos reales (Hillis, 1987). Por otro lado, los análisis de datos independientes en ocasiones pueden brindar evidencia para apoyar o corroborar la robustez de un árbol filogenético, aunque resulta frecuente que diferentes conjuntos de datos den lugar a hipótesis distintas, ya que generalmente están gobernados por fuerzas evolutivas desiguales (Bull et al., 1993; de Queiroz et al., 1993). No obstante tal controversia, se ha intentado conciliar ambas posturas argumentando que a pesar de que las historias filogenéticas derivadas de distintos conjuntos de datos suelen ser diferentes, para conjuntos de datos con un número considerable de taxones dicha diferencia ocurre sólo en parte de sus historias, por lo que es recomendable elegir la hipótesis con datos combinados pero considerando como no resueltas las partes discordantes que estén fuertemente apoyadas en los análisis separados hasta que un nuevo conjunto de datos refute una de las hipótesis (Wiens, 1998b).

En esta investigación se eligió esta última postura. La resolución de la mayoría de las partes del árbol combinado se inclinó en favor del árbol con datos de mtDNA, pero la información morfológica robusteció o cambió algunas partes del árbol de mtDNA débilmente apoyadas. En el árbol combinado (Figura 11) sólo se consideró como no resuelta una parte, cuyos taxones integrantes muestran diferentes historias bien apoyadas en los árboles separados. Estos taxones corresponden a las diferentes poblaciones de *Barisia ciliaris*, ya que mientras el árbol morfológico apoya la monofilia de esta especie (Figura 9, MBF), el árbol de mtDNA indica que algunas de sus poblaciones están más relacionadas a *B. jonesi* y *B. sp.* Manantlán que a la población restante (Figura 10). Por lo tanto, se decidió mantener a las diferentes poblaciones de *B. ciliaris* bajo este mismo nombre hasta que otro tipo de datos favorezca alguno de los árboles separados aquí analizados.

#### IMPLICACIONES TAXONÓMICAS

La topología obtenida con los datos combinados sugiere una taxonomía para el género *Barisia* diferente de la taxonomía actual del grupo. Esta discrepancia representa un claro ejemplo de la aplicación tradicional de un "concepto inerte de especie", en la que una nueva especie es descrita o diferentes poblaciones son consideradas como conespecíficas debido a la designación de un taxónomo y no después de haberse realizado un examen riguroso (Good, 1994). En este estudio fue posible reconocer dentro de *Barisia* la existencia de ocho diferentes linajes que están apoyados por evidencia morfológica y/o de mtDNA, y que es concordante con su distribución geográfica. *Barisia rudicollis y B. sp. nov.* son las especies más diferenciadas tanto morfológica como genéticamente. Por otra parte, aunque no se tuvieron datos de mtDNA para *B. levicollis,* ésta posee características morfológicas muy conservadas, presentan una diferenciación genética que las ubica en trayectorias históricas diferentes de acuerdo con datos principalmente de mtDNA. Así, es evidente que el taxón *B. imbricata* representa en realidad un complejo de especies las cuales además no conforman un grupo monofilético.

Actualmente, los análisis filogenéticos realizados con datos de DNA resultan una herramienta muy útil para poder definir límites entre especies mediante la evaluación de monofilia en los haplotipos de especies putativas (ver Baum y Donoghue, 1995). No obstante, Moritz *et al.* (1992) criticaron la delimitación de especies realizada con base en análisis filogenéticos sólo con datos de mtDNA, ya que aunque sus patrones de monofilia pueden mostrar grupos filogenéticos discretos, los taxones suelen aún estar unidos por su DNA nuclear, lo que evidencia que en ocasiones un árbol derivado a partir de sólo un tipo de gen no necesariamente refleja las relaciones que se presentan en un árbol de especies. Por otra parte, para la delimitación de especies mediante el uso de caracteres morfológicos tradicionalmente se han empleado estudios comparativos de distribución de caracteres entre muestras geográficas para determinar cuáles de estos conjuntos están delimitados por diferencias diagnósticas (ver Wiens y Servedio, 2000). Con respecto a la taxonomía del género *Barisia* aquí propuesta, ésta se encuentra respaldada por una genealogía definida en su mayor parte por datos de mtDNA, por una estructura geográfica congruente (ver implicaciones filogeográficas más adelante) y en gran parte de los casos por características morfológicas distintivas en sus especies.

Las implicaciones taxonómicas de este estudio, que están basadas en la aplicación de un concepto evolutivo de especie (ver métodos), hacen evidente la naturaleza artificial que presenta la categoría subespecífica, ya que ésta en muchas ocasiones no está conformada por taxones naturales, o en otras palabras, por grupos monofiléticos. Además, otro problema surge al intentar delimitar en la práctica a los taxones subespecíficos debido a que éstos no representan unidades discretas. Lo anterior puede entenderse a partir de la definición de subespecies como "aquellos segmentos geográficos de una especie gonocórica (con reproducción sexual) que difieren entre sí en un grado razonable (por lo menos 70-75%) pero no en su totalidad" (Smith *et al.*, 1997).

Con la ayuda de los conceptos filogenéticos de especie es posible diferenciar las distintas unidades evolutivas contenidas dentro de una especie politípica. Así, mediante la investigación de hipótesis filogenéticas es posible descubrir en ocasiones que poblaciones asignadas a una especie están más relacionadas filogenéticamente con otras especies que con poblaciones con las cuales son reproductivamente compatibles (Frost y Hillis, 1990). Por lo tanto, bajo el concepto biológico de especie diferentes poblaciones alopátricas son consideradas como conespecíficas sin tomar en cuenta la trayectoria histórica que éstas pudieran presentar entre ellas. Para inferir límites entre especies este último concepto se basa principalmente en el grado de diferenciación de las poblaciones, el cual es tomado como evidencia indirecta de compatibilidad reproductiva. Para el caso del género *Barisia*, la definición de los límites entre sus especies siempre se había basado en el grado de diferenciación morfológica de sus taxones integrantes, sin importar sus trayectorias históricas.

#### IMPLICACIONES FILOGEOGRÁFICAS

Las tasas de evolución molecular presentes entre las especies del género *Barisia* resultan congruentes con la hipótesis de vicarianza que sugiere diversos eventos de expansión/contracción de los bosques templados de norteamérica ocurridos del Eoceno tardío al Pleistoceno. Dicha hipótesis de vicarianza también se ha sugerido o es aplicable para otros grupos de organismos que probablemente

han sido influenciados también por la historia dinámica del Mioceno y Pleistoceno en Norteamérica tales como gorriones (Zink and Dittmann, 1993), tortugas dulceacuícolas (Avise *et al.*, 1992), ajolotes (Shaffer y McKnight, 1996), ratones silvestres (Sullivan *et al.*, 1997), y escarabajos tigre (Vogler y De Salle, 1993). No obstante, con respecto a la República Mexicana, pocos estudios filogeográficos se han realizado para los diferentes grupos de organismos habitantes de esta región, esto a pesar de que cuenta con una rica biodiversidad, debido entre otros aspectos a que posee una compleja fisiografía.

Entre los pocos estudios filogeográficos de organismos habitantes de México destacan el de Sullivan *et al.* (1997) para el grupo de ratones silvestres *Peromyscus aztecus*, y el de Shaffer y McKnight (1996) para el complejo de salamandras tigre *Ambystoma tigrinum*. En ambos estudios se sugirió un aislamiento faunístico entre la Sierra Madre Occidental y el Eje Neovolcánico Transversal. Además, en el primer estudio antes mencionado se indicó que las poblaciones de la Sierra Madre Oriental y la parte central de la Sierra Madre del Sur formaban un grupo monofilético que excluía a las poblaciones del Eje Neovolcánico Transversal. No obstante, de acuerdo con las delimitaciones geográficas hechas por Ferrusquía (1993), las poblaciones asignadas en dicho estudio a la provincia de la Sierra Madre Oriental (poblaciones cercanas a Huatusco y Teocelo, Veracruz) en realidad pertenecen a la porción este del Eje Neovolcánico Transversal. Tomando en cuenta lo anterior, el trabajo de Sullivan *et al.* (1997) también apoya la propuesta aquí sugerida de una afinidad faunística entre el Eje Neovolcánico Transversal y la Sierra Madre del Sur.

Con respecto al trabajo de Shaffer y McKnight (1996), se encontró una mayor afinidad entre las poblaciones del complejo *Ambystoma tigrinum* provenientes de La Sierra Madre Oriental con las poblaciones del Eje Neovolcánico Transversal. Esta hipótesis de afinidad faunística pudiera no ser comparable con la hipótesis aquí propuesta si se considera que la distribución geográfica de cada taxón depende entre otras cosas de su medios de dispersión y desplazamiento, así como de su dependencia crítica del medio ambiente. En el caso de del complejo *Ambystoma tigrinum*, la distribución geográfica de las distintas poblaciones que lo integran depende en gran medida de la historia hidrológica de las regiones donde habitan. Por otro lado, aquellos grupos con hábitos terrestres, como p. ej. lacertilios, dependen más de otros factores topográficos que han afectado su área de distribución (p. ej., formación de cordilleras o valles).

Por último, cabe señalar que otros grupos de reptiles de zonas templadas tienen una distribución similar a la de los miembros del género *Barisia*, en los cuales sus distintas formas también presentan características morfológicas conservadas. Tal es el caso del grupo de lagartijas *Eumeces brevirostris*, que está conformado por cinco especies, siendo una de ellas politípica (*E. brevirrostris*). Dicho grupo se encuentra distribuido en diversas regiones comprendidas desde el noroeste de Chihuahua hasta el centro y sur de Oaxaca (Dixon, 1969). La escasa diferenciación morfológica entre los miembros del grupo *E. brevirrostris*, principalmente entre aquellas formas que ocurren en el Eje Neovolcánico Transversal y regiones adyacentes, ha sido la causa de que a la fecha sigan indefinidos sus límites entre especies.

### CONCLUSIONES

De acuerdo con los criterios de evaluación aplicados a cinco métodos de codificación de caracteres probados con información de morfología externa, la exclusión de caracteres polimórficos en el análisis filogenético disminuye en gran medida la resolución de la hipótesis obtenida. De los cinco métodos de codificación de caracteres probados, el método binario de frecuencias resultó ser el que mayor información filogenética incorporó considerando las evaluaciones efectuadas, aunque éste parece dar lugar a la inclusión de altos niveles de homoplasia.

Los datos de secuenciación de mtDNA proveyeron, a diferencia de los caracteres morfológicos, de información filogenética considerable para investigar las relaciones filogenéticas dentro del género *Barisia*. Estos datos fueron analizados con el método de máxima verosimilitud, eligiendo antes el modelo de evolución más adecuado mediante un criterio objetivo. La topología del árbol de mtDNA es totalmente diferente de la del árbol morfológico, aunque generalmente aquellos taxones cuyos nodos están fuertemente apoyados en alguno de los dos árboles presentan un débil soporte en las relaciones alternativas del otro árbol.

El único árbol obtenido del análisis combinado empleando el método de máxima parsimonia sin ponderación de caracteres, y que se consideró como la mejor hipótesis filogenética del género *Barisia*, se inclinó en la mayoría de sus relaciones a favor del árbol de mtDNA. No obstante, la inclusión de la información morfológica en unos casos dio un mayor apoyo a algunos nodos, y en un caso favoreció una relación alternativa. La monofilia de *Barisia* está fuertemente apoyada por información de ambos tipos de datos, apareciendo el clado *Abronia* + *Mesaspis* como su grupo hermano. La especie *B. imbricata* aparece como polifilética, estando conformada por al menos cinco especies evolutivas, sus cuatros subespecies reconocidas y la población de *B. i. imbricata* procedente de Manantlán, Jalisco, la cual está más relacionada con *B. i. jonesi*. La población sureña de *B. i. ciliaris* aparece en un clado separado con respecto a las restantes poblaciones de esta subespecie, aunque esta relación permanece como cuestionable. *Barisia rudicollis* y la especie no descrita son especies hermanas y comparten varias homoplasias morfológicas con el género *Abronia*.

La aplicación de una tasa de evolución molecular obtenida de otro fragmento de mtDNA a las secuencias del fragmento aquí examinado sugiere una separación de aproximadamente 12.8 millones de años entre el género Barisia y el clado Abronia + Mesaspis Además, estos datos indican la ocurrencia

de un posible evento de divergencia ocurrido entre el Mioceno tardío, hace aproximadamente 6.8 millones de años, que separó a las poblaciones de *Barisia* de la Sierra Madre Occidental, Altiplano Mexicano y parte noroeste de la Sierra Madre del Sur, de las poblaciones del Eje Neovolcánico Transversal y porción central de la Sierra Madre del Sur (Sierra de Juárez).

Las relaciones entre los diferentes taxones del género *Barisia* parecen ser congruentes con su distribución geográfica pero no así con su taxonomía actual. Las discontinuidades filogeográficas presentes entre dichos taxones pueden ser explicadas a partir de la hipótesis que plantea la ocurrencia de diversos eventos de expansión/contracción de los bosques templados durante el Eoceno tardío al Pleistoceno, y que también se ha propuesto para otros grupos de organismos. La hipótesis filogenética aquí obtenida sugiere una afinidad faunística entre: (1) el Eje Neovolcánico Transversal y la Sierra de Juárez (parte central de la Sierra Madre del Sur); (2) el Altiplano Mexicano, Sierra Madre Occidental y Sierra Madre Oriental; y (3) entre estas tres últimas provincias con la parte noroeste de la Sierra Madre del Sur.

2

# LITERATURA CITADA

- ARÉVALO, E.; S. K. DAVIS, Y J. W. SITES JR. 1994. Mithochondrial DNA sequence divergence and phylogenetic relationships among eight chromosome races of the Sceloporus grammicus complex (Phrynosomatidae) in Central México. Syst. Biol. 43 (3): 387-418.
- AVISE, J. C. 1994. Molecular Markers, Natural History and Evolution. New York: Chapman & Hall.
- -----. 2000. Phylogeography. The history and formation of new species. Massachusetts: Harvard University Press, 447 pp.
- AVISE, J. C. Y BALL. 1990. Principles of genealogical concordance in species concepts and biological taxonomy. Oxf. Surv. Evol. Biol. 7: 45-67.
- AVISE, J. C., B. W. BOWEN; T. LAMB, A. B. MEYLAN, Y E. BERMINGHAM. 1992. Mithochondrial DNA evolution at a turtle's pase: evidence for low genetic variability and reduced microevolutionary rate in Testudines. Molecular Biology and Evolution. 9: 457-473.
- BAUM, D. A. Y M. J. DONOGHUE. 1995. Choosing among alternative "phylogenetic" species concepts. Syst. Biol. 48: 199-213.
- BAVERSTOCK, P. R., Y C. MORITZ. 1996. Chapter 2: project design, pp. 17-27 in: Hillis, D. M., C. Moritz, y B. Mabee (Eds.). Molecular systematics. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, MA.
- BENABIB, M., K. M. KJER, Y J. J. SITES, JR. 1997. Mithocondrial DNA sequence-based phylogeny and the evolution of viviparity in the Sceloporus scalaris group (reptilia: Squamata). Evolution, 51 (4): 1262-1275.
- BOCOURT, M. F. 1879. In A. M. C. Duméril, G. Bibron, and M. F. Mocquard. Études sur les Reptiles, Mission Scientifique au Mexique et dans l'Ameriqué Centrale-Recherches Zoologiques, vol.
  6. Imperie Imperialé, Paris. Pp. 361-363.
- BROWER, A. V. Z. 1999. Delimitation of phylogenetic species with DNA sequences: a critique of Davis and Nixon's population aggregation analysis. Syst. Biol. 20: 560-573.
- BULL, J. J., P. HUELSENBECK, C. W. CUNNINGHAM, D. L. SWOFFORD, Y P. J. WADDELL. 1993. Partitioning and combining data in phylogenetic analysis. Syst. Biol. 43: 278-287.
- CAMPBELL, J. A., Y D. R. FROST. 1993. Anguid lizards of the genus Abronia: revisionary notes, descriptions of four new species, a phylogenetic analysis, and key. Bull. Am. Mus. Nat. Hist. No. 216, 121pp.
- CANSECO-MÁRQUEZ, L. 1996. Estudio preliminar sobre la herpetofauna en la cañada de Cuicatlán y Cerro Piedra Larga, Oaxaca. Tesis de Licenciatura. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Puebla, México.

- CHIPPINDALE, P. T., L. K. AMMERMAN Y J. A. CAMPBELL. 1998. Molecular Approaches to Phylogeny of *Abronia* (Anguidae: Gerrhonotinae), with emphasis on Relationships in Subgenus *Auriculabronia*. Copeia. 4: 883-892.
- COPE, E. D. 1878. Catalogue of the batrachians and reptiles of central América and México. Bull. U.S. Natn. Mus. 32: 1-98.
- DE QUEIROZ, A., M. J. DONOGHUE Y J. KIM. 1993. Separate versus combined analysis of phylogenetic evidence. Annu. Rev. Ecol. Syst. 26: 657-681.
- DIXON, J. R. (1969). Taxonomic review of the mexican skinks of the *Eumeces brevirrostris* group. Contributions. in Science. LA. Coun. Mus. Nat. Hist. No. 168: 1-30.
- FARRIS, J. S. 1988. Hennig86, version 1.5. Computer program and documantation. Port Jefferson Station, New York.
- FELSTENSTEIN, J. 1981. A likelihood approach to character weighting and wath it tells us about parsimony and compatibility. Biol. J. Linn. Soc. 16: 183-196.
- Evolution. 39: 783-791.
- -----. 1988. Phylogenies from molecular sequences: Inference and reliability. Annu. Rev. Genet. 22: 521-565.
- -----. 1995. PHYLIP. Manual version 3.57. Department of genetics, Univ. Washington, Seattle.
- FERRUSQUÍA, I. 1998. Geología de México: una sinopsis. En: Diversidad Biológica de México (Ramamoorty, T. P., R. Bye, A. Lot, J. Fa, eds.). Instituto de Biología, UNAM. Pp. 3-108.
- FROST, D. R., Y D. M. HILLIS. 1990. Species in concept and practice: Herpetological applications. Herpetologica, 46: 87-104.
- FU, J., Y R. W. MURPHY. 1999. Discriminating and locating Character Covariance: An Application of Permutation Tail probability (PTP) Analyses. Systematic Biology. 48 (2): 380-395.
- GRAHAM, A. 1993. Factores biológicos de la diversidad biológica de México. En: Diversidad biológica de México (Ramamoorty, T. P., R. Bye, A. Lot, J. Fa, eds.). Instituto de Biología, UNAM. Pp. 109-128.
- Good, D. A. 1987. A phylogenetic analysis of cranial osteology in the Gerrhonotine lizards. Journal of Herpetology, Vol. 21 (4): 285-297.
- ------1988a. Phylogenetic relationships among gerrhonotinae lizards, an analyisis of external morphology. Univ. California Press 121:1-139.

- ------1988b. Allozyme variation and phylogenetic relationships among the species of *Elgaria* (Squamata: Anguidae). Herpetologica, 44 (2): 154-162.
- ------1989. Allozyme variation and phylogenetic relationships among the species of *Mesaspis* (squamata:Anguidae). Herpetologica, 45 (2): 227-232.
- -----1994. Species limits in the genus *Gerrhonotus* (Squamata:Anguidae). Herp. Monographs, (8): 180-202.
- GRAY, J. E. 1838. Catalogue of the slender-tongued saurians, with descriptions of many new genera and species (part 2). Ann. Mag. Nat. Hist. 1: 388-394.
- GU, X., Y. X. FU, Y W. H. LI. 1995. Maximum likelihood estimation of the heterogeneity of substitution rate among nucleotide sites. Mol. Biol. Evol. 12: 546-557.
- GUILLETTE, L. J., Y H. M. SMITH. 1982. A review of the mexican lizard *Barisia imbricata*, and the description of a new subespecies. Trans. Kans. Acad. Science, 85 (1): 13-33.
- HASEGAWA, M. Y FUJIWARA, M. 1993. Relative efficiences of the maximum likelihood, maximum parsimony, and neighbor-joining methods for estimating protein phylogeny. Mol. Phyl. Evol. 2 (1): 1-5.
- HASEGAWA, M. H., H. KISHINO, Y T. YANO. 1985. Dating the human-ape spit by a molecular clock of mitochondrial DNA. J. Mol. Evol. 22: 160-174.
- HASEGAWA, M., KISHINO, H., Y SAITOU, N. 1991. On the maximum likelihood method in molecular phylogenetics. J. Mol. Evol. 32: 443-445.
- HILLIS, D. M. 1987. Molecular versus morphological approaches to systematics. Ann. Rev. Ecol. Syst. 18:23-42.
- HILLIS, D. M. Y J. J. BULL. 1993. An empirical test of bootstraping as a method for assessing confidence in phylogenetic analysis. Syst. Biol. 42: 182-192.
- HILLIS, D. M., Y J. P. HUELSENBECK. 1992. Signal, Noise and Reliability in Molecular Phylogenetic Analyses. Journal of Heredity. 83: 189-195.
- HILLIS, D. M., J. P. HUELSENBECK, Y C. W. CUNNINGHAM. 1994. Application and accuracy of molecular phylogenies. Science. 264: 671-677.
- HILLIS, D. M., Y C. MORITZ. 1996. Chapter 9: Nucleic Acids IV: Sequencing and Cloning, pp. 321-378 in: Hillis, D. M., C. Moritz and B. Mabee (Eds.). Molecular systematics. Sinauer Associates, Inc. Sunderland, MA.

HUELSENBECK, J. P. 1995. Performance of phylogenetic methods in simulation. Syst. Biol. 44:17-48.

- JUKES, T. H. Y C. R. CANTOR. 1969. Evolution of protein molecules. Pp. 21-32 in H. N. Munro, ed. Mammalian protein metabolism. Academic Press, new York.
- KÄLLERSJÖ, M. J., J. S. FARRIS, A. G. KLUGE, Y C. BULT. 1992. Skewness and permutation. Cladistics. 8: 275-287.
- KIMURA, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions trough comparative studies of nucleotide sequences. J. Mol. Evol. 111-120.
- KORNET, D. J., Y H. TURNER. 1999. Coding polymorphism for Phylogeny Reconstruction. Systematic Biology. 48 (2): 365-379.
- LEVITON, A. E., R. H. GIBBS, E. HEAL, Y C. E. DAWSON. 1985. Standards in herpetology and icthyology: Part I. Standard symbolic codes for institutional resource collections in herpetology and ichtyology. Copeia. 1985: 802-832.
- LI, H. W. 1997. Molecular Evolution. Sinauer Associates Inc., Massachusetts. 486 pp.

LYNNON BIOSOFT. 1996. DNA Man for windows. Version 2.6.

- MACEY J. R., J. A. SHUTLE II, N. B. ANAJEVA, A. LARSON, N. RASTEGAR-POUYANI, S. M. SHAMMAKOV, Y T. J. PAPENFUSS. 1998a. Phylogenetic relationships among agamid lizards of the *laudakia caucasia* species group: Testing hypoteses of biogeographic fragmentation and an area cladogram for the Iranian Plateau. Mol. Phylogenet. Evol. 10: 118-131.
- MACEY J. R., J. A. SHUTLE II, A. LARSON, Z. FANG, Y. YANG, B. S. TUNIYEV, Y T. J. PAPENFUSS. 1998b. Phylogenetic relationships of toads in the *Bufo bufo* species group from the eastern escarpment of the Tibetan Plateau: A case of vicariance and dispersal. Mol. Phylogenet. Evol. 9: 80-87.
- MACEY, J. R., J. A. SCHUTLE II, A. LARSON, B. S. TUNIYEV, N. ORLOV, Y J. PAPENFUSS. 1999. Molecular phylogenetics, tRNA evolution, and historical biogeography in anguid lizards and related taxonomic families. Mol. Phylogenet. Evol. 12 (3): 250-272.
- MADDISON, W. P., DONOGHUE, M. J. Y MADDISON, D. R. 1984. Outgroup analysis and parsimony. Syst. Biol. 33 (1): 83-103.
- MAYR, E. 1969. Principles of systematic zoology. McGraw Hill, New York.
- MORITZ, C., T. E. DOWLING, Y W. M. BROWN. 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA: relevance for population biology and systematics. Annu. Rev. Ecol. Syst. 18: 269-292.
- MORITZ, C., C. J. SCHNEIDER, Y D. B. WAKE. 1992. Evolutionary relationships within the *Ensantina* eschsoltzii complex confirm the ring species interpretation. Syst. Biol. 41 (3):273-291.
- MURPHY, R. W. 1993. The phylogenetic analysis of allozyme data: Invalidity of coding alleles by presence/absence and recommended procedures. Biochem. Syst. Ecol. 21: 25-38.

- MURPHY, R. W, Y K. D. DOYLE. 1998. Phylophenetics: Frequencies and Polymorphic Characters in Genealogical Estimation. Syst. Biol. 47 (4): 737-761.
- NEI, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York.
- NEI, M. 1996. Phylogenetic analysis in molecular evolutionary genetics. Annu. Rev. Genet. 30: 371-403.
- NIXON, K. C., Y J. M. CARPENTER. 1993. On outgroups. Cladistics 9: 413-426.
- PALUMBI, L. 1996. Chapter 7: Nucleic Acids II. The Polymerase Chain Reaction, pp. 205-247 in: Hillis, D. M., C. Moritz y B. Mabee. (Eds.). Molecular systematics. Sinauel Associates, Inc. Sunderland, MA.
- QIAGEN. 1995. QIAGEN Genomic DNA Handbook. QIAGEN GmbH and QIAGEN Inc.
- SAITOU, N. Y T IMANISHI. 1989. Relative efficiences of the Fitch-Margoliash, Maximum-Parsimony, Maximum-Likelihood, Minimum-Evolution, and Neighbor-Joining methods of phylogenetic tree construction in obtaining the correct tree. Mol. Biol. Evol. 6 (5): 514-525.
- SHAFFER, H. B. Y M. L. MCKNIGHT. 1996. The polytipic species revisited: Genetic differentiation and molecular phylogenetics of the tiger salamander Ambystoma tigrinum (Amphibia: Caudata) complex. Evolution. 50 (1): 417-433.
- SITES, J. W. JR., S. K. DAVIS, T. GUERRA, J. B. IVERSON, Y L. SMELL. 1996. Character congruence and phylogenetical signal in molecular and morphological data sets: A case of study in the living Iguanas (Squamata: Iguanidae). Mol. Biol. Evol. 13 (8): 1087-1105.
- SITES, J. W. Y K. A. CRANDALL. 1997. Testing species boundaries in biodiversity studies. Cons. Biol. 11 (6): 1289-1297.
- SMITH, H. M. 1942. Mexican herpetological miscellany. Proc. U.S. Nat. Mus. 92: 349-395.
- SMITH, H. M., D. CHIZAR Y R. R. MONTANUCCI. 1997. Subspecies and classification. Herp. Rev. 28 (1): 13-16.
- SMITH, H. M. Y E. H. TAYLOR. 1950. An annotated checklist and key to reptiles of Mexico, exclusive of the snakes. Bull. U. S. Nat. Mus. 199: 1-253.
- SULLIVAN, J., J. A. MARKET, Y C. W. KILPATRICK. 1997. Phylogeographic and molecular systematics of the *Peromyscus aztecus* species group (Rodentia: Muridae) using parsimony and likelihood. Syst. Biol. 46 (3): 426-440.
- STEJNEGER, L.H. 1890. On the north american lizards of the genus *Barisia* of Gray. Proc. U.S. Natn. Mus. 13:183-185.

- SWOFFORD, D. L. 1998. PAUP\*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and other methods). Vers. 4.0b2a. Sinauer, Sunderland, MA.
- SWOFFORD, D. L., OLSEN, G. J.; WADELL, P. J., Y D. M. HILLIS. 1996. Phylogeny reconstruction. Pp. 407-514 In: Molecular systematics, 2<sup>nd</sup>. Edition (Hillis, D. M., Moritz, C y Mable, B. K., eds.). Sinauer Sunderland, Massachusetts.
- TATENO, Y., N. TAKEZAKI Y M. NEI. 1994. Relative efficiencies of the maximum-likelihood, Neighbor joining, and Maximum-Parsimony Methods when substitution rate varies with site. Mol. Biol. Evol. 11 (2): 261-277.
- TIHEN, J. A. 1949a. A review of the lizard genus Barisia. Univ. Kansas Sci. Bull. 33: 217-256.

-----1949b. The genera of gerrhonotine lizards. Am. Mid. Nat. 41 :580-601.

- TOLEDO, V. M. 1982. Pleistocene changes in vegetation in tropical Mexico. Pages 93-111 in Biological diversification in the tropics (G: T. Prance, ed.). Columbia Univ. Press, New York.
- VOGLER, A. P. Y R. DE SALLE. 1993. Phylogeographic patterns in coastal american tiger beetles (*Cicindela dorsalis* Say) inferred from mithochondrial DNA sequences. Evolution. 47 (4): 1192-1202.
- WADDICK, J. W., y H. M. Smith. 1974. The significance of scale characters in evaluation of the lizard genera *Gerrhonotus, Elgaria,* and *Barisia*. Great Bas. Nat. 34 (4): 256-266.

WIEGMANN, A. F. A. 1828. Beitrage zur Amphibienkunde. Isis von Oken. 21: 364-383.

- WIENS, J. J. 1993. Phylogenetic systematics of the tree lizards (Genus Urosaurus). Herpetologica, 49 (4), 399-420.
- -----1995. Polymorphic characters in phylogenetic systematics. Syst. Biol. 44 (4):482-500.
- -----1998a. Testing Phylogenetic methods with Tree Congruence: Phylogenetic Analisys of Morphological Characters in Phrynosomatid Lizards. Syst. Biol. 47 (4): 427-444.
- -----1998b. Combining Data Sets with Different Phylogenetic Histories. Systematic Biology. 47 (4): 568-581.
- WIENS, J. J., Y T. W. REEDER. 1997. Phylogeny of the spiny lizards (Sceloporus) based on molecular and morphological evidence. Herp. Monographs, 11: 1-101.
- WIENS, J. J., T. W. REEDER Y A. NIETO MONTES DE OCA. 1999. Molecular Phylogenetics and Evolution of Sexual Dichromatism amog Populations of the Yarrow's Spiny Lizard (Sceloporus jarrovii). Evolution. Evolution. 53 (6): 1884-1897.
- WIENS, J. J., Y M. R. SERVEDIO. 1997. Accuracy of Phylogenetic analysis including and excluding polymorphic characters. Syst. Biol. 46 (2): 332-345.

differences between species. Proc. R. Soc. London. 267: 631-636.

- WILEY, E. O. 1981. Phylogenetics. The theory and practice of phylogenetic systematics. John Wilew and Sons, New York.
- YANG, Z. 1994. Estimating the pattern of nucleotide substitution. J. Mol. Evol. 39: 306-314.
- -----1996. Phylogenetic analysis using parsimony and likelihood methods. J. Mol. Evol. 42: 294-307.
- YANG, Z., N. GOLDMAN Y A. FRIDAY. 1995. Comparison of Models for Nucleotide Substitution Used in Maximum-Likelihood Phylogenetic Estimation. Mol. Biol. Evol. 11 (2): 316-324.
- ZALDÍVAR-RIVERÓN, A. 1998. Variación morfológica y aloenzimática en la lagartija Barisia ruidicollis (Squamata: Anguidae) y contribución a su historia natural. Tesis de Licenciatura, ENEP-Iztacala, UNAM, 84 pp.
- ZINK, R. M. Y D. L. DITTMANN. 1993. Gene flow and evolution of geographic variation in the song sparrow (Melospiza Melodia). Evolution. 47 (3): 717-729.

# **APÉNDICE I**

Las abreviaciones de las colecciones son las sugeridas por Leviton *et al.* (1985), excepto MZFC (Museo de Zoología "Alfonso L. Herrera", Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México); EBUM (Colección Herpetológica, Universidad Autónoma de Morelos); y EBUAP (Colección Herpetológica, Universidad Autónoma de Puebla). El tamaño de muestra de cada taxón se menciona después de su nombre. \* Especímenes utilizados para datos de secuenciación de DNA.

Barisia imbricata jonesi (n= 23): Michoacán.—Coalcomán (MZFC-11602, UGV4162, 4278); Coalcomán, between Los Pobres y las Nieves (UGV 4266); Coalcomán, cañada 3 km al SE las Agüitas (UGV 4226 MZFC sin catalogar); Coalcomán, cerro el Laurel (MZFC-12147, 11724, UGV-268); Coalcomán, El polvorín, 2 km S de Dos Aguas (MZFC-11726-27; UGV 4167-9); al N de Dos Aguas (MZFC- 11725; UGV 4116\*-7); Coalcomán, 5 km S de Dos aguas (MZFC-11608-14).

Barisia imbricata imbricata 1 (n= 8): Jalisco.— Manantlán, Laboratortio Natural Las Joyas (MZFC-4714); 23 km de el Terrero, Manantlán (MZFC-6001\*); Cerro Grande, el Terrero, por el Tapeixtle (MZFC-6002, 6019, 6773-74); el Tapeixtle, 3km al N de el Terrero; El Tapeixtle (MZFC-8138-40).

Barisia imbricata imbricata 2 (n= 45): Distrito Federal.—Delegación Magdalena Contreras, Ejido San Nicolás Totolapan, 2km W Albergue el Pino (MZFC-11663\*); Ajusco, Serranía (MZFC-282-84); Ajusco, Llano Cieneguillas (MZFC-279-80); Ajusco, W Valle Monte Alegre (MZFC-281); Aprox. 200 m E de P.C.V.U (MZFC-4326). Hidalgo.—Pachuca (MZFC-4696); 2 km entronque Tianguistengo (MZFC-275-76); Atotonilco El Grande (FMNH-106156); Laguna del Tejocotal (MZFC-3097); 2 Km E pueblo Tejocotal (MZFC-277); 4 Km Oeste Pueblo Tejocotal (MZFC-278). México (state).—Xalatlaco, El Capulín (MZFC-3242, 3384-85); Hda. La Gavia (LACM-135555-56); Los Reyes Iztacala (MZFC-3335 serie de 2 ejemplares); Parque Nacional Zoquiapan (MZFC-3207 serie de 7 ejemplares); Parque Nacional Zoquiapan, Cañada del Quesero (MZFC-3413); valle de Bravo (LACM-135552, 135554-55, 135559); Vicitinity of Valle de Bravo (LACM 136658-59). Puebla.—Km 47 carr. 130 Huauchinango-Apizaco (MZFC-12544\*); Santa Rita Tlahuapan (EBUAP-460); Ciudad de Puebla, Colonia El Cerrito (EBUAP-463). Tlaxcala.—Volcán La Malinche (MZFC-12564); San Tadeo Huexoyucan (MZFC-12563).

Barisia imbricata imbricata 3 (n= 7): Morelos. —Parque Nacional Lagunas de Zempoala (MZFC-2333, 1195\*-96, 12565; IBH-1671, 3159, 3665).

Barisia imbricata imbricata 4 (n= 14): Veracruz.—Carretera entre Acayucan y Alvarado (MZFC-2309); Cerro Azul (MZFC-2344-1, 2344-2); 2 mi ESE Las Vigas (LSUMZ-28687, 31053); 1.5 mi S Puerto del Aire (LSUMZ-10978); Puerto Morelos, 4 km al W (MZFC-727); 1-5 km W Xometla (LACM-131443, 131445-47);

SE slope Pico de Orizaba (LACM-135557); Orizaba, Texmalaquilla (LACM-121929) Oaxaca.—Peña Verde, Cañada de Cuicatlán (MZFC-12545\*).

Barisia imbricata ciliaris 1 (n= 11): Hidalgo.—Molango (MZFC-495). Querétaro.—Alrededores Pinal de Amoles (MZFC-6875); Pueblo de San Joaquín (MZFC-7551); Mpio. Cadereyta, 1 km EN del Doctor (MZFC-8430); Mpio. Pinal de Amoles 6 km NO Rancho Los Velázquez (MZFC-9252\*-53); Mpio. Colón, Pinal de Zamorano (MZFC-9401-03, 9753-54).

Barisia imbricata ciliaris 2 (n= 6): Guanajuato.—20 km NE León, carr. Hacia San Felipe (MZFC-12067). San Luis Potosí.—10 mi EN of Bledos (CM-41516); Cerro Conejo, between Llano de Conejo and Llano de Garzas (LSUMZ-341); 2 mi E Catorce (LSUMZ-2373); 2 km al oeste de Alvarez, Mpio. de Díaz Zaragoza (MZFC-11082, XXX).

Barisia imbricata ciliaris 3 (n= 23): Chihuahua.—Chihuahua (AMNH-1945). Durango.—El Salto (MZFC-12547\*-48); 5 mi ENE El Salto (LSUMZ-30668); 10 mi E El Salto (AMNH-68357); 10 mi W El Salto (AMNH-98164); 56 mi W Durango (LACM-92674); Navajas (LACM-121928); Navajas, ca. 40 mi W El Salto (LACM-121314); Hacienda Los Coyotes, 3 mi S El Salto (LACM-92675); 3 mi NW Los Coyotes (LACM-136860); 10 mi S rancho Santa Bárbara (LACM-133639); 6 mi SE Llano grande (LACM-121927); Navios (AMNH-118078); Rancho Las Canoas, ca. 4 mi N Navios (LACM-35171); Vicitinity of Palo Gordo (CM-90195); Mpio. Suchil, Reserva de la Biosfera (IBH-2503); Rancho Temascal, Mpio. de Suchil (IBH-7299); Reserva de Michila, Mpio. Suchil (IBH-7300-01). Zacatecas.—Temascal, 8.2 mi SW Joaquín Amaro (LSUMZ-35070-71); Mpio. Valparaiso, 20 km al N (IBH-5066).

Barisia imbricata ciliaris 4 (n= 13): Coahuila.—1 mi S Cedritos (AMNH-77246); 10.7 mi ESE San Antonio de las Alazanas (LSUMZ-30154); Las Vigas (IBH-4651-1, 4651-2). Nuevo León.—Ojo de Agua, near Galeana (FMNH-30703); slope of Cerro Potosí (CM-43782); Cerro Potosí, Ojo de Agua (FMNH-30705-07); Pablillo (MZFC-11237) Pablillo, near Galeana (FMNH-106168); 1.5 km E de Mimbres (MZFC-7795-96).

Barisia imbricata planifrons (n= 20): Oaxaca.—Sierra de Juárez, Yuvila (MZFC-12546\*); Cerro San Felipe (AMNH-100713-4); Near San Felipe (FMNH-112021); 2 Mi S of el Punto, NE Cerro San Felipe, 7800 ft (AMNH-89638); 1.5 Mi S of el Punto, Near cerro San Felipe, 7200 ft (AMNH-89639); 3.5 Mi N of Cumbre del Estudiante, on Ixtlán de Juárez-Oaxaca road, 7200 ft (AMNH-90928), SE of Cuajimoloyas. 8575 ft (AMNH-102717); cercanías del Cerro San Felipe [IBH-7429-31, 7431-32, 7433 serie de 2 ejemplares, número de colector JRS 53956-7, 4003, (IBH sin catalogar)]; Sierra de Monteflor, partes altas de San Juan Bautista Atlahuaca, Cañada de Cuicatlán (MZFC 8691-2).

<u>Barisia levicollis</u> (n= 14): Chihuahua.—North Chihuahua (AMNH 592-93); Chihuahua (USNM-26602-03; 26612; 47067; 47413; 47452; 46666-7); Samachique (FMNH-15728); Sierra Tarahumara (FMNH-15729); Sierra del Nido (CM-90194); 25.2 Mi W (by road) Tomachic; from la Junta, 2200 msnm (LACM-132393).
<u>Barisia rudicollis</u> (n= 18): México (state).—Hacienda de la Gavia (IBH 1834, 2701); 6 km al N de Sultepec (MZFC 5358, 9590--1); Avándaro, Valle de Bravo [EBUM 1372-73; IBH 6277-1, 6277-2, 5091; MZFC-9581 (skull), 9582-3, 9586, 12541-43]. Michoacán.—Municipio de Tuxpan, El Pinal (MZFC 9594\*).

Barisia sp. nov (n= 24): México (state).—Ranchería Tlaltizapan, camino de terracería Cuernavaca-Chalma, Mpio. Ocuilan (MZFC-5741, 9580\*, 9584-85, 9587-88, 9592-93, 12549, 12551-62). Morelos.—Tetela del Volcán (EBUM-2485); Sierra del Chichinautzin (MZFC-9589); límites de Cuernavaca (MZFC-12550).

<u>A. graminea</u> (n= 9): Oaxaca.—Puerto de la Soledad (MZFC-4294-95, 4830). Puebla.—Puerto Morelos (MZFC-3256, 6331); Mpio. de Ozumbilla, Tepeyolulco (MZFC-7816). Veracruz.—Acultzingo, 1 km S Puerto del Aire (MZFC-4124); La Joya (MZFC-5032\*), XXX (ART-091).

Elgaria kingii (n= 9): Aguascalientes.—Mpio. de Calviño, Arroyo Ibañez (MZFC-11318-19). Chihuahua.— Cerca de la Estación El Divisadero (MZFC-2165); Cascada de Basaseachic (MZFC-5754). Jalisco.—Autlán, arriba de Rincón de Manantlán (MZFC-6003). Colima.—Minatitlán, 2.2km camino al Terrero (MZFC-6813). <u>Mesaspis gadovii</u> (n= 10): Guerrero.—Omiltemi (MZFC-2710, 2714-15, 2718, 2721, 2731, 2733, 2739, 2754, 10206\*).

# ESTA TESIS NO SALE

## **APÉNDICE II**

Nomenclatura de las escamas de la cabeza para gerrhonotinos propuesta por Good (1988a), excepto para las escamas de la zona gular. R= rostral, PR= postrostral, IA= internasal anterior, IP= internasal posterior, N= nasal, SN= supranasal, PN= postnasal, C= cantal, L=loreal, FN= frontonasal, PF= prefrontal, PRO= preocular, MS= supraocular medial, S= superciliar, LS= supraocular lateral, SO= subocular, PO= postocular, T1= 1a. hilera de temporales, T2= 2a. hilera de temporales, T3= 3a. hilera de temporales, T4= 4a. hilera de temporales, T5= 5a. hilera de temporales, F= frontal, IO+O= occipital, POC= postoccipitales, N= nucales, SL= sublabial, M= mentonal, PM= postmentonal, SBL= sublabial, IL= infralabial, EG= escudo genial, G= gular.



## **APÉNDICE III**

Matrices de datos de los métodos de codificación de polimorfismos (caracteres morfológicos) y de datos combinados. Las matrices de los conjuntos de datos de secuenciación y del método binario de frecuencias para caracteres morfológicos se ecuentran contenidos en el árbol combinado.

#### CARACTERES FIJOS

#### #NEXUS BEGIN DATA; DIMENSIONS NTAX=16 NCHAR=8; FORMAT MISSING=? SYMBOLS= "0 1"; Matrix 1 2 3 4 5 6 7 8 1 2 4 9 11 14 15 16] [TAXA 1101 Bspnov 1 1 1 0 Brudico 1101 1 1 1 0 Blevico 0110 0 0 0 0 Bjonesi 0110 0 0 0 1 0110 0 0 0 Bplanif 0 Bimbril 0110 1 0 0 1 Bimbri2 01 10 1 0 0 1 0110 0 0 Bimbri3 1 0 01100110 Bimbri4 1 0 0 1 õ ō Bcilial 0 0 0110 Ō Bcilia2 0 0 Ō 0 1 10 0 Bcilia3 0 0 0 Bcilia4 0110 0 0 0 0 0000 0 0 0 Mesaspi 0 0001 0 0 Abronia 2 ? 0 Ó Elgaria 0000 0 0; end:

#### CUALQUIER INSTANCIA (DERIVADO)

#NEXUS BEGIN D DIMENSI FORMAT Matrix (TAXA	AT. ON: SYI 1	A; S MB 2 2	N OL 3 3	177 25 4 4	4X = 5 5	=1 "0 6 6	6 1 7	N( 8 8	2H. 2 9 9	AR= 3"; 10 10	16; 11 11	12 12	13 13	14 14	15 15	16 16]			
Bspnov Brudico Blevico Bjonesi Bplanif Bimbri1 Bimbri3 Bimbri3 Bcilia1 Bcilia2 Bcilia3 Bcilia3 Bcilia3 Bcilia3 Bcilia4 Mesaspi Abronia Elgaria end; BEGIN A TYPESET END;	110000000000000000000000000000000000000		11000000000000000000000000000000000000	001111111111000 H	1100001011111100 N=	11111111111000 ;C	22322222222222222222222	11110010101100000	1100000000000010	000000000000000000000000000000000000000	3312222222222030	1 0 0 0 1 1 1 0 0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 0 0 0 1 1 0 0 0 0 1 1 0 0 0 0 0 1 1 0	1101001100 D:1	1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	110000000000000000000000000000000000000	0 0 1 1 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0	12-	-16	;

#### CUALQUIER INSTANCIA (ANCESTRAL)

#NEXUS BEGIN DATA; DIMENSIONS FORMAT SYMB Matrix	N'. OLS	ГА) 5=	%=: °(	16 ) 1	N(	CH2 2 3	AR:	=12. Y";	;						
[TAXA	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12			
-	1	2	4	б	7	8	9	11	12	14	15	16	]		
Bspnov	1	1	0	1	2	1	1	3	1	1	1	0			
Brudico	1	1	0	0	2	1	1	3	1	1	1	0			
Blevico	0	1	1	1	3	0	0	1	<u> </u>	, Q	0	0			
Bjonesi	0	1	1	1	2	0	0	2	0	0	0	1			
Bplanif	0	1	1	1	2	0	0	2	0	0	0	0			
Bimbril	0	1	1	1	2	0	0	2	1	0	0	1			
Bimbri2	D	1	1	1	2	0	0	2	1	0	0	1			
Bimbri3	0	1	1	1	2	0	Q	2	1	0	0	0			
Bimbri4	0	1	1	1	2	0	0	2	1	0	0	1			
Bcilial	0	1	1	1	2	0	0	2	0	0	0	0			
Bcilia2	0	1	1	1	2	0	0	2	0	0	0	0			
Bcilia3	0	1	1	1	2	0	0	- 2	0	0	0	0			
Bcilia4	0	1	1	1	2	0	0	2	0	0	0	0			
Mesaspi	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0			
Abronia	0	0	0	0	0	0	1	3	0	0	0	0			
Elgaria	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	;		
end;															
BEGIN ASSUM	PT:	101	NS.	7									_		
TYPESET *CU	RRI	EN.	r=	OF	ð	: 5	5 8	3, T	JNOI	RD:	1-4	16	7	9-:	12;
END;															

### POLIMÓRFICO

#NEXUS BEGIN DATA; DIMENSIONS NTAX=16 NCHAR=16; FORMAT MISSING=? EQUATE="Y=(1 2) X=(0 1)" SYMBOLS= "0 1 2 3 X Y"; Matrix TAXA 1 2 3 4 5 6 7 8 9 1 1 X 0 X 1 Y I 1 1 X 0 X X Y 1 1 0 1 0 1 0 1 3 X 0 0 1 0 1 0 1 2 X 0 1 Bspnov 0 з х 1 1 0 0 1 1 Ó Brudico 3 х X Y Y õ ö Ö õ ō Ō Blevico Õ 0 Ó ō 1 0 Bjonesı х YOO Ó Bplanif 0 0 0 0 2 0 0 2 X 0 2 0 0 0 Bimbril 0 2 Y 2 Y Y Y Y Y х 0 1 1 1 1 1 1 ŏ ŏ Bimbri2 х X 0 22 Ö õ 0 Bimbri3 0 2 X 0 Y 0 0 Bimbri4 Ō x Ō Ō 1 0 X X 0 X X 0 7 X 0 7 0 0 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 X 1 X 1 X 1 Bcilia1 0 00 х 0 0 0 0 ŏ Bcilia2 X X õ õ õ Ó Ô Bcilia3 х Õ Õ õ 0 Bcilia4 0 X X 0 Mesaspi 0 Ó 0 0 0 Ō 3 0 Х 0 Abronia 0 X 0 0 Elgaria Õ; end: BEGIN ASSUMPTIONS; TYPESET \*CURRENT= ORD: 1-6 8-10 12-16, UNORD: 7 11; END;

## ANÁLISIS COMBINADO

J.

#### #NEXUS

#NEAUS begin data; DIMENSIONS NTAX=17 NCHAR=894; FORMAT INTERLEAVE MISSING=? EQUATE="N=?" EQUATE="Z={1 2}" RESPECTCASE SYMBOLS="A C G T . 0 1 2 3 Z a b c d e f g h i j k l m n o p q r s t u v w x y"; MATRIX

.

ELGARIA	CECAATCGCAGGCTCAATAGTACTAGCAGCAATCCTCCTAAAGCTCGGAGGCTACGGAGT
ADDONTA	
ABRONIA	CCCAATCGCAGGCTCAATAGTACTAGCAGCAATTCTCCTAAAACTGGGGGGATACGGAGT
MESASPIS	TCCAATCGCAGGCTCAATAGTCCTAGCAGCCATCCTACTAAAACTAGGAGGCTACGGAAT
BCDNOV/	
DOFINOV	CCCAATCGCAGGCTCAATGGTCTTAAGGAGGCTACGGAGGCTACGGAGT
BIMBR12	CCCAATCGCAGGCTCAATGGTCTTAGCAGCAATCCTATTAAAATTGGGGGGGCTACGGGGT
BIMBRI3	<u> იე კარე კალის კალი კალი კალი კალი კალი კა კალი კალი კ</u>
BIMBR41	CCCGATCGCAGGCTCAATGGTCTTAGCGGCAATCCTATTAAAATTGGGGGGGTTACGGGGGT
BIMBR42	CCCAATCGCAGGCTCAATGGTCTTAGCGGCAATCCTATTAAAATTAGGGGGCTTACGGGGT
לא דמוזממ	
BRUDIC	CCCAATCGCAGGATCTATGGTCTTAGCAGCAATCCTATTAAAACTCGGAGGCTACGGGGT
BCILIA1	CCCAATCGCAGGTTCAATGGTCCTAGCGGCAATCCTATTAAAACTTGGGGGGCTACGGGGT
POTT TAD	
DOIDINZ	CCCARICOCAGGI CARIGOTCU ADCOGCARICU ACTRARACI I GGGGGU ACGGGGT
BCILIA3	CCCAATCGCAGGTTCAATGGTCCTAGCGGCAATCCTATTAAAACCTTGGGGGGTTACGGAGT
BCTLTA4	NININININININININININININININININININI
BIMBRII	CCCAATCGCAGGTTCAATGGTCCTAGCAGCCATCCTATTAAAACTTGGGGGCTACGGGGT
BJONEST	CCCAATCGCAGGTTCAATGGTCCTAGCAGCAGTCCTATTAAAACTTGGCCGCCTACGGGGT
הידע דת ה	
DFUMNIC	CCCAATCOCAGGTTCAATGGTCTTAGCAGCAATTCTATTAAAACTTGGAAGCTACGGGGT
BLEVICO	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ET CADY A	
CLUGARIA	AATCCGAATTTCCACAACTCTTCTACCACTTACTAAAACCTTGGCTTACCCATTCCTTAT
ABRONIA	AATCCGTATCTCAACTACCCTCCTCCCACTAACAAAAACCCTAGCATATCCGTTCCTCGT
MEGACOTO	TATTCG A ATATCACCTA CTCTCCTCCTCCCA CTA A CA A A A
	TATTEGRATATEAGETACTOCTOCTOCTOCTACAAAAACCCTAGETAACCCCTTCCTAAT
BSPNOV	AATTUGAATUTCAACAAUCUTTUTTUCATTAACAAAAACCUTAGUTTATUCATTUUTAT
BIMBR12	AATTCGAAACTCAGCAACTCTCCTCCCACACACACACACA
DIMORYS	
DIMDK72	aa i logaa lotoagoaacto ttottogoacacaaaa?ctotggottatocattoc?!TAT
BIMBR41	AATTCGAATCTCAACAACCCTTCTTCCACTCACAAAAACCCCTGGCTTATCCATTCCTCAT
DTMDD42	
DIMDR4Z	AATTOGCATCTCAACAACCCTTCTTCCACTCACAAAAACCCTGGCTTATCCGTTCCTCAT
BRUDIC1	AATTCGAATCTCAACAACTCTTCTTCCACTCACAAAAACCCTGGCTTATCCATTCCTTAT
BCTLTA1	<u>ϷϪͲͲϹϾϪϪϔϹͲϹϪϪϹϪϪϹͲϹͲͲϹͲͲϹϹϪϹϔϲϪϹϪϪϪϪϹϹϹͲϾϾϹͲϿͽͲϹϹϪͲͲϹϹͲϔϪ</u> Ͳ
DOTITNO	
DCIDIAZ	GATTEGAAICTEAACAACCETTETTECACTEACAAAAACCETGGECTATECATTECTTAT
BCILIA3	AATTCGAATCTCAACAACCCTTCTTCTCCTCACAAAAACCCTGGCTTATCCATTCCTTAT
BCTLTA4	NIATANINININININININININININININININININ
DETUDDING	
BIWERTI	GATTCGAATCTCAACAGCCCTTCTTCCACCACACAAAAACCCCTAGCTTATCCATTCCTTAT
BJONESI	AATTCGAATCTCAACAACCCTTCTTCCACTAACAAAAACCCTGGCTTATCCATTCCTTAT
DDI ANTO	
DI DIMATI	
BLEVICO	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
DI CADI A	
ELGARIA	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASFIS BSPNOV	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASFIS BSPNOV BIMBRI2	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASFIS BSPNOV BIMBRI2	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASFIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASFIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41 BIMBR42	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASFIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41 BIMBR42	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASFIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAGACA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCUL11	CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATCTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTCGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATCTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATCTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATCTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA3	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR41 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR41 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BIONEST	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTCGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBRI1 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAACTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAACTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBRI1 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCACTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBRI1 BJONESI BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCAAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCAAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCAATTGCCTGCGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCAATTGCCTGCGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCAATTGCCTGCGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BJONESI BJLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGACGAATATTAATAACCAGCCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBRI1 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATTTTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAACTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR42 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTACTGCACCCCCCCCCC
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR42	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCACTCCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCACTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTACTGAGCAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTCGCGCACAACAGACCTAAA CCTTGCCCTACTGACCCCCCCCCC
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACAGCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATACTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTACTGAGCAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTACTGCCTACTCCCTCCGTCAGCCACATAGGACTGGTTATTTGCGCAACACTAAT AGCAATAATGCCTACTCCTCCGTCAGCCACATAGGACTAGTTATTTGCGCAACACTTAAT AGCAATAATGCCCTACTCCATCCATCAGCCACATAGGACTAGTTATTTGTGCAACACTTAAT AGCAATAATCGCCTACTCATCCATCAGCCACATAGGACTAGTTATTTGTGCAACACTTAAT AGCAATAATCGCCTACTCCATCCATCAGCCACATAGGACTAGTTATTTGTGCAACACTTAAT AGCAATAATCGCCTACTCCATCCATCAGCCACATAGGACTAGTTATTTGTGCAACACTAAT AGCAATAATCGCCTACTCATCCATCAGCCACATAGGACTAGTTATTTGTGCAACACTAAT
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACAGCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACAGCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BJONESI BJONESI BJLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA2	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR42 BCULIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA3	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBRI3 BIMBR41 BIMBR42 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BJONESI BJANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCTTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAACAGACTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR41 BIMBR42 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCTTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTAGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATTTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBRI2 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR13 BJONESI BJONESI BJONESI BSPNOV BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR13 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BJONESI BJONESI BJONESI	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATTTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTCTGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACTTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTTGCCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTACCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCTCAATTTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTACCCTATGAGGAATATTAATAACCAGCCCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTACCCTAC
ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO ELGARIA ABRONIA MESASPIS BSPNOV BIMBR12 BIMBR41 BIMBR41 BIMBR41 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA4 BIMBR11 BJONESI BPLANIF BLEVICO	CCTAGCCCTTTGAGGAATCCTAATGGCCAGCTCAATCTGTCTACGACAAACAGACCTAAA CTTAGCCCTGTGGGGAATCCTAATGACCAGCTCAATCTGCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAACAGACCTAAA CCTGGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTTGCCTACGACAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA CCTGCCCTATGAGGAATATTAATAGCCAGCTCAATTGCCTACGACAAACAGACCTAAA NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

ELGARIA TCAAACTCAATGAAGCCTATCCGGTACAATCTTCCTAATAATCGCACACGGACTTACCTC

ş

,, 14

ABRONIA	TCAAACACAATGAGGCTTATGCGGTGCAACCTTTTTAATAGTTGCACACGGCCTCACCTC
MESASPIS	CCAAACACAATGAAGCTTATGTGGTGCAACCCTTTTAATAATCGCACACGGCCTAACTTC
BSPNOV	CCAGACAGAATGAAGCCTATATGGTGCAACCTTCCTAATAATTGCACATGGCCTCACATC
BIMBRI2	CCAGACAGAATGAAGCCTATATGGTGCCACCTTCTTAATGATTGCACACGGTCTCACATC
BIMBRI3	CCAGACAGAATGAAGCCTATATGGTGCCACCTTCTTAATGATCGCACACGCTCTCACATC
BTMBR41	CCAGACAGAA4GAAGCCTATAGGCGCTACCTTACTAATGCACACGCCTCACACAC
RIMBR42	
BRIDTC1	
DOTITA1	
DOILINI	
DOILIA2	CCAGACAGAA HGAAGC TTATATGGTGCAACCTTCCTAATAATTGCACATGGCCTCACATC
BCILIAS	CCAGACAGAATGAAGCTTATACGGTGCAACCTTCCTAATAATTGCACATGGCCTCACATC
BCILIA4	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
BIMBRII	CCAGACAGAATGAAGCTTATATGGTGCAACCTTCCTAATAATTGCACATGGTCTCACATC
BJONESI	CCAGACAGAATGAAGCTTATATGGTGCAACCTTCCTAATAATCGCACANGGTCTCACATC
BPLANIF	CCAGACAGAATGAAGCCTATATGGTGCAACCTTCCTAATAATTGCACACGGCCTCACATC
BLEVICO	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA	ͲϔϾͲͽͲϡϾͲͲͲͲϾͲϾϾϾͳϡϴϲϡϪϲϡϾͲϡϪϾͲϡϪϾͽͽϲϲͽͽϫϲͼϫϫϲͲϹϪϾͲϹϹϹϾϿͽϲͽͲͲͽϲϻ
ABRONTA	
MEGAGDIC	
DODIOU	CICATACIALITIGICIGUCAACACTAACTACGAACGAACTAACTCCCGAACATATT
BSPNOV	ATCAATGCTTTTTTTGCCTCGCAAACACTAATTACGAACGCACAAACTCACGAACATTATT
BIMBRI2	ATCAATGCTATTTIGCCTTGCAAACACTAATTACGAACGCACGAACTCACGAACATTATT
BIMBRI3	ATCAATGCTCTTTTGCCTTGCAAACACTAATTACGAACGCACAAACTCACGAACATTATT
BIMBR41	ATCAATGCTCTTTTGCCTTGCAAACACTAATTACGAACGCACAAACTCACGAACATTACT
BIMBR42	ATCAATGCTCTTTTGCCTTGCAAACACTAATTATGAACGCACAAACTCACGGACATTACT
BRUDIC1	ATCAATACTCTTTTGCCTTGCAAACACTAATTACGAACGCACAAACTCACGAACATTATT
BCILIA1	TACAATACTCTTTTGCCTTGCAAACACTAATTACGAACGCAACAACTCACGAACATTACT
BCILTA2	ATCAATACTCTTTTGCCTTGCAAACACGAATTACGAACCCAACGAACCACAACATTACT
BCTLTAR	
DOTITNA	as essentes i us a esta esta esta esta esta esta esta e
DULLULA4	
DIMBRIT	ATCAATACTCTTTTTGCCTTGCAAACACTAATTACGAACGTACGAACTCACGAACATTACT
BJONESI	ATCAATACTCTTTTGCCTTGCAAACACTAATTACGAACGCACGAACTCACGAACATTACT
BPLANIF	ATCAATACTCTTCTGCCTTGCAAACACTAATTACGAGCGCACGAATTCACGAACACTATT
BLEVICO	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA	ACTAACACGCGGACTACATCTTATTCTACCACTAATAACATTTTGATGACTCACCGCCAA
ABRONIA	TTTAACACGCGGACTCCACCTTATTCTACCAATAATAACATTCTGATGACTAACCGCCAA
MESASPIS	ATTAACACGAGGACTCCACCTTATCCTACCCCCTAATAACATTCTGATGACTTACCGCCAA
BSPNOV	ACTAACACGCGGACTACACCTAATCCTTCCTCTAATAACATTCTGATGGCTAACCGCCCAA
BIMBRI2	
BIMPDT3	
DIMORIJ	
DIMBR41	ATTAACACGCGGATTACACCTAATTCTTCCTCTAATAACATTCTGATGGCTAACCGCCAA
BIMBR42	ATTAACACGCGGATTACACCTAATTCTCCCTCTAATAACATTCTGATGGCTAACCGCCAA
BRUDIC1	ACTAACACGCGGACTACACCTAATTCTCCCCTCTAATAACATTCTGATGACTAACCGCTAA
BCILIA1	ATTAACACGCGGACTACACCTAATTCTCCCCTCTAATAACATTCTGATGACTGAC
BCILIA2	ATTAACACGCGGACTTCACCTAATTCTTCCTCTAATAACATTCTGATGACTAACTGCCAA
BCILIA3	ATTAACACGCGGACTTCACCTAATTCTTCCCCCTAATAACATTCTGATGGCTAACTGCTAA
BCTLTA4	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
BIMBRII	δητόδος δαραγικά τη
BIONEST	
BOUNDOL BOUNNTE	
DEDUTCO	ACTACACGCGGATTACACCTAATTCTTCCTCTAATAACATTTGGATGGCTAACCGGCCA
BLEVICO	
ELGARIA	TCTCGCCAACCTGGCTATCCCCCCCCCAATCAACCTAATAGGAGAACTCCTTATTATTGC
ABRONIA	TTTAGCTAATATAGCCCTCCCCCCGGCCATTTACCTGATAGGAGANCTGATTATCATCAC
MESASPIS	CCTAGCTAATCTGGCCCTCCCACCATCAATTAACCTGATAGGAGANCTCATAATCATTCC
BSPNOV	TTTAGCTAACCTAGCCATTCCACCATCTATCAATTTAATAGGAGAACTCCTTATCATTAC
BIMBRI2	TTTAGCCAACCTGGCCATTCCACCATCAATCAACTTAATAGCCCAAACTCCTCATCATTAC
BIMBRIS	ͲͲͲͽϧϛϲϹϪϡϲϲͲϛϛϛϨϲϪͲͲϲϹϪϨϲϿϫͲϲϪϪͲϲϪϪͲϫϪͽͻϫϭϭϭϭϪϪϘͲϲϲͲϲϪͽϭϪͲͽϫϭ
RTMRD41	
PIMPRAL PIMPRAN	
DIMBR42	TTTAGCCAACTTGGCCATTCCACCGTCAATCAACTTAATAGGGGAGCTCCTTATCATTAC
DRUDICI	TTTAGUCAAUCTGGCCATTCCUCCATCAATCAACTTAATAGGGGAACTTCTTATCATTAC
BCILIA1	TCTAGCCAACCTGGCCATTCCACCATCAATCAACTTAATAGGAGAACTCCTTATCATTAC
BCILIA2	TTTAGCCAATCTGGCCATTCCACCATCAATCAACTTAATAGGTGAACTCCTTATCATTAC
BCILIA3	TTTAGCCAACCTAGCCATTCCCCCCATCAATCAACTTAATAGGGTGACTCCTTATTATTGC
BCILIA4	NINNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
BIMBRI1	TTTAGCCAACCTAGCCATTCCACCATCAATCAACTTAATAGGTGAACTCCTTATCATTAC
BJONESI	CTTAGCCAACCTAGCCATTCCACCATCAATCAACTTAATAGGTGAACTCCTTATCATTAC
BPLANIF	TTTAGCNAACCGGGCCATTCCCCCCATCAATCAACTTAATAGGAGAACTTCTCATCATTAC
BUEVICO	
2021100	***************************************
FLOADIA	ርጥር ርъლ ርጥር ስ አርጥር እርር ር ር እ እር አመጥጥር እ አጥሮ አጥር ር ጥ አ ለ ር ር ር አ አ ር ር ር ጥ አ ር ጥ አ እ ር
J D D O N T N	
ABRUNIA	CTCTATATTCAACTGAGCCAACATCTCAATCATTATAATAGGACTTGGANCCTTACTAAC
MESASPIS	CTCCCTATTTAACTGAGCCAACATCTCTATTATTTTAACAGGTATTGGGACCCTACTAAC
BSPNOV	CGUTATATTCAACTGAACTAATGTATCAATCATTTTAACAGGCATTGGAACATTATTAAC
BIMBRI2	CGCTATATTTAACTGAACCAATGTATCAATCATTTTAACAGGCCTTGGAACATTATTAAC
BIMBRI3	CGCTATATTTAACTGAACCAATGTATCAATCATTTTAACAGGCCTTGGAACATTATTAAC
BIMBR41	CGCCATATTCAACTGAACCAATGTGTCAATCATTTTAACAGGCATTGGGACATTGTTAAC
BIMBR42	CGCTATATTCAACTGAACTAATGTATCAATCATTTAACACCATTGGGACACTCTTAAC
BRUDTCI	CGCTATATTCAACTGAACTAATCTATCAATCATTTAACACCCATTCAAACATCAATTAAA
BOILTAI	
DOLE XYJ	
DOLLIAZ	COUTATATTCAACTGAACCAATGTATCAATCATCTTAACAGGCCTTGGAACTCTATTAAC
DUILIAS	CULTATATTCAACTUGALCAATUTATCAATCATTTTAACAGGCCTTGGAACACTATTAAC
BUILIA4	NMNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

BIMBRI1	CGCTATATTCAACTGAACCAATGTATCAATCATTTTAACAGGCCTTGGAACACTATTAAC
BJONESI	CGCCATATTCAACTGAACCAATGTATCAATCATTTTAACAGGCCTTGGGACACTATTAAC
BPLANIF	CGGAATATTCAACTTAACTAATGTATCAATCATTCTAACAGGCATTGCAACATTATTAAC
BLEVICO	NINNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARTA	ĊĠĊĊ৵ĊŸŦŶŎĊŦĊĊĊŦĊŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶŦŶ
ADDONTA	
MECACOTC	
MESASPIS	
RSENOA	CGCCTCTTAFFCCCTATACATATTCCTTATAACACAACGAGGGAAACTACCAACACACCT
BIMBRI2	AGCCTCTTATTCCCTGTACATATTCCTTATAACACGAGGGAAACTACCAACACACCT
BIMBRI3	AGCCTCTTATTCCCTGTACATATTCCTTATAACACCAACGAGGGAAACTACCAACACACCT
BIMBR41	AGCCTCTTATTCCCTATACATATTCCTTATAACAACGAGGGAAACTACCAACACACCT
BTMBR42	AGCCTCTTATTCCCTATACATATTCCTTATAACACAACGAGGAAAACTACCAACACACCT
BRIDTC1	CGCCTCTTATTCCCCTATATACATATTCCTTATAACACAACA
POTLTA1	
DOIDIAL	
BUILIAZ	CGCCTCCTATTCCCTATACATATTCCTTATAACACAACGAGGAAAGCTACCTAC
BCILIA3	CGCCTCCTATTCCCTATACATATTCCTTATAACACAACGAGGAAAGCTACCTAC
BCILIA4	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
BIMBRI1	CGCCTCCTATTCCCTATATATATCCTTATAACAACGAGGAAAGCTACCTAC
BJONEST	CGCCTCCTATTCCCTGTACATATTCCTTATAACACAACGAGGAAAGCTGCCTACACACCT
BDLANTE	CGCCTCCTATTCCCTATACATACCTTATAACACAAGGGGAAACTACCAACACACC
DIDITIO	UUULIUUIAIIIUUULIMAANAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
PPEALCO	UMUMANINANINANINANINANINANINANINANINANINANI
ELGARIA	AATTATCAATCAACCCAACCCACACTCGAGAACATCTCTTAATAGCCCCTACATCTCATCC
ABRONIA	AATCCTCAACCAACAACACTCTCNCGAGAACACTTCCTAATAGCCCTACACCTTATTC
MESASPIS	AATCATTAATCAACCCANCTCACTCCCGAGAACACTACCTAATAGCCATACACCTTATCC
BSPNOV	AATTATTAAC, AACCCATCACACTCTCGAGAACACTTATTAATAACCCTACACCTTGTTC
BTMBRT2	ΑλΤΡΑΤζΑΛ, ΑλΟΟΟΔήζΑΛΑΟΤΟΤΟΘΑΘΑΑΟΔΟΤΑΤΗΛΑΤΑΔΟΟΟΤΤΟΔΟΟΤΟΔΟΟ
BIMBBI	
STRDE 44	ANTIATORAC, ARCCARCAL COCORDANCAL TATTIATARCCICCACCTUTIC
BIMBR41	AATTATTAAT . AACCCATCACACTCTCGAGAACATTACTTAATAACCCTGCACCTCATTC
BIMBR42	AATTATTAAT. AACCCCTCACACTCTCGAGAACATTACTTAATAACCCTACACCTCGTTC
BRUDIC1	AATTATTAGT. AACCCATCACACTCTCGAGAACATTATTTAATAACCCTACACCTTATTC
BCILIA1	AACTATTAAC. AACCCATCACACTCTCGAGAACACTATTTAATAGCCCTACACCTTATCC
BCTLIA2	AATTATTAAT, AACCCCTCACACTCTCGAGAACATTATTAATAGCCCTCCACCTTATTC
BOTLEAD	
DOTITAL	
BCILLA4	
BIMBRII	AATCATTAAT.AGCCCATCGCTCTCTCGAGAACATTATTTAATAACCCTACACCTTATTC
BJONESI	AATCATTAAT.AACCCATCACACTCTCGAGAACACTATTTAATAGCCCTACACCTTATTC
BPLANIF	AATTATTAAT.AACCCATCACACTCTCGAGAACATTACTTAATAACTCTACACCTAATTC
BLEVICO	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
FLGARTA	ᢙᡎ᠋ᢍᡆᢄᡎᠧᠧᡎᡎᡎᡊᡓ᠖ᠸᠧ᠘ᡩ᠘᠘ᡩ᠘᠘ᡩ᠘᠘ᡩ᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘᠘
SDOMUTA	
ABRONIA	САНТААТАСТАТТААССССААААССАБААСТТТТСАСАААТАТТТСССТСТСТАТААТАТ
MESASPIS	CATTAATATTACTTACCACGAAACCAGAACTCTTCACAAACGTTTACCTCTGTAAATATA
BSPNOV	CACTTCTACTTTTAACTACAAAACCGGAACTTTTTACAAATATCTACCTCTGTTAATATA
BIMBRI2	CTCTTCTACTCTTAACTACAAAACCAGAACTTTTTACAAATATCTACCTATGTTAATATA
BIMBRI3	CTCTTCTACTCTTAACTACAAAACCAGAACTTTTTACAAATATCTACCTATGTTAATATA
BTMBR41	ϹϫϹͲͲϹͲϫϹͲͲͲͲϫϪϹͲϫϹϪϫϫϪϹϹϾϾϪϪϹͲͲͲͲͲϪϹϫϪϪͲϪͲϔͲϪϹϹͲϹͲϾͲϾϪϪͲϪͲϪ
DTMDD42	
DIMDR42	
BRUDICI	САСТССТССТТТТААСТАСААААССОВААСТТТТТАСАААТАТСТАССТСТВТТААТАТА
BCILIAI	CACTCCTACTTTTAACTACTACAAACCGGAACTTTTTACAAATATTTTACCTCTGTTAATATA
BCILIA2	CACTCCTACTTTTAACTACTAAACCGGAACTCTTTACAAATATTTACCTCTGTTAATATA
BCILIA3	CACTTCTACTTTTAACTACTAAGCCGGAACTCTTTACAAATATTTACCTCTGTTAATATA
BCILIA4	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
BIMBRI1	C & C M C C M G C T T T T T A & C C C G G A & C T C T T T A & A & A & T A T A C C T C T C T G T T A & T A T A
BTOMPET	
20014231	
BPLANIF	CACTUTTGCTTTTTAATCACAAAACCGGAACTTTTTTTACAAATATTTTACCTCTGTTTAATATA
BLEVICO	NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
ELGARIA	GTTTAACATAAAACATTAGTCTGTGGACCTAAAAATAGAAGTTAAAATCTTCTTATAAAC
ABRONTA	GTTTAACACAAAACATTAGTCTGTGGATCTAAAAATAGAAGTTAAAAATCTTCTTAAAAAC
MESAGDIG	ϛͲͲͲϪϪͳϪͲϪϪϪϾϪͲͳϪϬͲϹͲϾͲϾϾϪϹϹͲϪϪϪϪϪͳϪϾϪϪϾͲͲϪϪϪϪϹϹͲͲϹͲͲϪͲͲϪϪϽ
DEDMOUTO	$c_1$ $c_2$ $c_3$ $c_3$ $c_3$ $c_3$ $c_3$ $c_4$ $c_4$ $c_6$ $c_6$ $c_6$ $c_3$ $c_3$ $c_3$ $c_4$ $c_6$ $c_1$ $c_4$ $c_1$ $c_4$ $c_1$ $c_1$ $c_1$ $c_1$ $c_1$ $c_1$ $c_1$ $c_1$ $c_2$ $c_3$ $c_4$ $c_6$
BSPNUV	GTTTAATACAAAACATTAGTCTGGTGACCTAAAAATAGAAGCTAAAATCTTCTTATAAAC
BIMBRI2	GTTTAATACAAAACATTAGTCTGTGGACCTAAAAATAGAAGTTAAAATCTTCTTATAAAC
BIMBRI3	GTTTAATGCAAAACATTAGTCTGTGGACCTAAAAATAGAAGTTAAAATCTTCTTATAAAC
BIMBR41	GTTTAATGCAAAACATTAGTCTGTGGACCTAAAAATAGAAGTTAAAATCATCTTATGAAC
BIMBR42	GTTTAATGCAAAACATTAGTCTGTGGACCTAAAAATAGAAGCTAAAATCTTCTTATAAAC
BRUDTC1	GTTTAATACAAAACATTAGTCTGGTGACCTAAAAATAGAACTTAAAATCTTCTTATAAAAC
BCILIAL	
DOTITNO	
DCILIAZ	GITTAGA AGAA AGATTAGICIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIGIG
DCILIAS	GTTTAA ISLAAAALAITASTUIG ISSACUTAAAAATAGAAGITAAAATUTTCITATAAAC
BCILIA4	NMNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
BIMBRI1	GTTTAATG.AAAACATTAGTCTGTGGACCTAAAAATAGAAGTTAAAATCTTCTTATAATC
BJONESI	GTTTAATG . AAAACATTAGTCTGGGGACCTAAAAATAGAAGCTAAAATCTTCTTATAAAC
BPLANTE	GTTTAATACAAAACATTAGTCTGTGGACCTAAAAATAGAACTTAAAAGCCTTCTTATAAAC
BLEVICO	A STATE AND A STAT
	TATATAKAN JUJA JUJA JUJA JUJA JUJA JUJA JUJA JU
***	
PLOAKIA	COMONON DALGOMAGNACI OLINATI CALGLACI IGAGOTINARCULTCAGATUTUTUA
ABRONIA	CGAGAGATGACACAAGAACTGCTAATTCCTGTACCTGAAGTTAAACCCTCAGCTCTCA
MESASPIS	CGAGAGATGACACAAGAACTGCTAATTCCTGTACCTGAAGTTAAACCCTCAGCTCTCTCA
BSPNOV	CGAGAGATTATACAAGAACTGCTAACTCCTGCACCTGAAACTAAACCTTCAGATCTCTCA
BIMBRI2	CGAGAGATTATACAAGAGCTGCTAACTCCTGCAACTGAAACTAAACCTTCAGATCTCTCA
BIMBRT3	CGAGAGATTATACAAGAGCTGCTAACTCCTGCACCTGAAACTAAACCTTCAGATCTCTCA

BIMBR41 BIMBR42 BRUDIC1 BCILIA1 BCILIA2 BCILIA3 BCILIA3 BCILIA4 BIMBRI1 BJONESI BPLANIF BLEVICO	CGAGAGATTATACAAGAACTGCTAACTCCTGCACCTGAAACTAAACCTTCAGATCTCCCA CGAGAGATTATACAAGAACTGCTAACTCCTGCACCTGAAACTAAACCTTCAGATCTCCCA CGGGAGATTATACAAGAGCTGCTTAACTCCTGCACCGGAAAAAAAA
ELGARIA	CTTTTAAAGGATAAAAGTCATCCACTGGCTTAGGCGCC
ABRONIA	CTTTTAAAGGATAGAAGTCATCCAATGGCTTAGGCGCC
MESASPIS	CTTTTAAAGGATAAAAGTCATCCACTGGCTTAGGCGCC
BSPNOV	CTTTTAAAGGATAAAAGTCATCCACTGGNTTAGGCGCC
BIMBRT2	CETTLAAAGATAAAAGTCATCCGCTGGCTTAGGCGCC
BIMBRIS	CTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTT
BTMBR41	
BIMBR42	
BEINDICI	
BRODICI	
DC1D1A1	
BCIDIA2	
BCIDIAJ	
DCIDING	
BINDRET	
DUCINEDI	
BELINNEST	
BUONBOT	TATATATATATATATATATATATATATATATATATATA
ELGARTA	аааааааааааааааааа
ABRONIA	aaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa
MESASPIS	aaaha0aaa0akaaa
BSPNOV	vvkabv1vva3vkvva
BIMBRI2	avavcv2caa2vaaav
BIMBRI3	avavav2aaa2vaaaa
BIMBR41	avavby2daa2vbaay
BIMBR42	ayay by 2 daa 2 y baay
BRUDIC1	yymabq1yya3yuyya
BCILIA1	ayaycy2aaa2acaaa
BCILIA2	ayaymy2eaelaaaaa
BCILIA3	aya'yky2 fadlaaaaa
BCILIA4	ayayey2aae1aaaaa
BIMBRI1	ayayay2aaa2ycaay
BJONESI	ayayay2baa2acaay
BPLANIF	ayayay2aaa2aaaaa
BLEVICO	ауауауЗbаа0ааааа;
end;	
BEGIN ASSU	MPTIONS;
TYPESET *(	CURRENT= ORD: 879-884 886-888 890-894, UNORD: 1-878 885 889;
WTSET *CUP END;	RENT= 24: 1-878 885 889;