



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA
DE MEXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

"VARIACION GENETICA EN EL COMPLEJO DEL BOLSERO
CASTAÑO (*Icterus spurius*): EVIDENCIA DE UNA
RECIENTE DIVERGENCIA"

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE:
B I O L O G O
P R E S E N T A:
ESTEBAN LOPEZ MEDRANO



DIRECTOR DE TESIS: DR. KEVIN ERLING OMLAND

CODIRECTOR DE TESIS: DR. ADOLFO GERARDO VAZQUEZ GUENZA

2004



FACULTAD DE CIENCIAS
SECCION ESCOLAR



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



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.

ESTA TESIS NO SALE
DE LA BIBLIOTECA

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES Y ENSEÑANZA DE QUÍMICA



UNIVERSIDAD NACIONAL
AVENIDA DE
MEXICO

DRA. MARÍA DE LOURDES ESTEVA PERALTA
Jefa de la División de Estudios Profesionales de la
Facultad de Ciencias
Presente

Comunicamos a usted que hemos revisado el trabajo escrito: "Variación Genética en el Complejo del Bolsero Castaño (*Icterus spurius*): Evidencia de una Reciente Divergencia"

realizado por Esteban López Medrano con número de cuenta 9421779-5

quién cubrió los créditos de la carrera de Biología

Dicho trabajo cuenta con nuestro voto aprobatorio.

Atentamente

Director de Tesis
Propietario

Dr. Kevin Erling Omland

Propietario

Dr. Adolfo Gerardo Navarro Sigüenza

Propietario

Dr. Juan Jose Morrone Lupi

Suplente

Dra. Blanca Estela Hernández Baños

Suplente

M. en C. Pilar Gabriela Ibañez Hernández

Consejo Departamental de Biología

M. en C. Juan Manuel Rodríguez Chávez

FACULTAD DE CIENCIAS



UNIDAD DE ENSEÑANZA
DE BIOLOGÍA

A mi abuelita Martha †

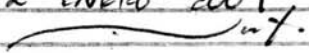
y

A mis sobrinos Priscila, Adrian y Axel

El presente trabajo se elaboró en el Laboratorio del Dr. Kevin E. Omland de la University of Maryland, Baltimore County (UMBC). Asimismo, parte del presente trabajo y los contactos necesarios para llevarlo a cabo, se generaron en el Museo de Zoología "Alfonso L. Herrera" de la Facultad de Ciencias, UNAM, como parte de las actividades del Taller de "Faunística, Sistemática y Biogeografía de Vertebrados Terrestres e Insectos de México" impartido por los profesores: Dr. Jorge Lorente Bousquets, Dr. Adolfo Navarro Siguënza, Dr. Juan José Morrone Lupi, Dr. Oscar Flores Villela, Dr. Adrián Nieto Montes de Oca, Dr. Luis Medrano González, M. en C. Armando Luis Martínez, M. en C. Livia León Paniagua, Biól. Alejandro Gordillo Martínez y Biól. Luis Canseco Márquez.

Asimismo, el trabajo de laboratorio y la esatancia inherente a este trabajo en la UMBC, fue financiado por el Art and Science Department de la University of Maryland, Baltimore County y por la National Science Foundation (NSF) Started Grant (DEB-0004400). Mientras que el apoyo financiero en México para las actividades relacionadas con la carrera y el presente trabajo fue gracias a los proyectos CONABIO E-018, CONACYT R-27961, DEGAPA-PAPIIT IN214200 e IN233002.

Autorizo a la Dirección General de Bibliotecas de la UNAM a difundir en formato electrónico e impreso el contenido de mi trabajo recepcional.

NOMBRE: ESTEBAN LOPEZ
MEDRANO
FECHA: 22-ENERO-2004
FIRMA: 

AGRADECIMIENTOS

A Ernes y Arce por el amor, la confianza y el apoyo que siempre me han dado y que en conjunto me han servido para ser la persona que soy y para poder llegar hasta donde he llegado y también, por el buen ejemplo que siempre me han inculcado. A Caro y Cris por su gran cariño y por darme tantas alegrías.

A ti Adriana por darme la oportunidad de amarte, así como por la gran confianza que me tienes y el apoyo que me brindas a cada momento. También, por la forma y sinceridad con la que vives este amor y por despertar en mi tantos y tantos sueños. Asimismo, por todos tus comentarios que me ayudan a esforzarme cada día más.

Al Dr. Adolfo Navarro por brindarme la oportunidad para desarrollarme tanto personal como profesionalmente y por la confianza y el apoyo incondicional.

Al Dr. Kevin Omland por brindarme la oportunidad de demostrar mi potencial y por la confianza y apoyo incondicional.

A mi estimado amigo Javier Salgado por todos los conocimientos que me proporcionó y por todas las buenas ambiciones que despertó en mí.

A Octavio, Ale Gordillo, Luis Antonio y Samuel por ser mis guías y mentores en el mundo de las aves y de la sistemática.

A Jason Baker, Chris Feldman, Jeff Petters, Beatriz Kondo, Jeff Laeps y Joe Smith por toda la ayuda y amistad que me brindaron durante mi estancia en el laboratorio y en general, en E. U. Así como a los Miller's por todo el cariño y apoyo incondicional.

A David (Kruger) por darle significado a la palabra hermano y por la confianza y apoyo incondicional, así como por tener una hermosa familia que me ha dado tanto.

A Dafné, Abril y Diana por su gran amistad que me ha dado tanto.

A Isadora, Lupita Castillo, Aldo y Alonso por su cariño, ayuda y apoyo.

A mis amigos del Museo: Magali, Nanda, Gaby, Itzel, Chente, Hernan, Yosh, Cesar, Erick y toda la demás gente que hizo de mi estancia en el Museo una de mis mejores experiencias.

A mis sinodales el Dr. Juan Jose Morrone, la Dra. Blanca Hernández y la M. en C. Gabriela Ibáñez por su tiempo y por sus comentarios.

Y a toda la gente que durante toda mi vida me brindo su amistad y que me ayudaron a esforzarme cada día más.

ÍNDICE

INTRODUCCIÓN.....	1
ANTECEDENTES.....	4
Morfología.....	4
Distribución.....	6
Hábitat.....	6
OBJETIVOS.....	9
MÉTODOS.....	10
Muestras.....	10
Marcadores moleculares.....	10
Procedimientos de Laboratorio.....	11
Análisis Filogenéticos.....	11
Análisis de Genética Poblacional.....	12
RESULTADOS.....	13
Secuencias.....	13
Análisis Filogenéticos.....	14
Análisis de Genética Poblacional.....	15
DISCUSIÓN.....	21
Reciente Divergencia.....	21
Tiempo de Divergencia.....	21
Límites de Especie.....	22
CONCLUSIONES.....	24
LITERATURA CITADA.....	25
APÉNDICE 1. Información de cada muestra.....	30
APÉNDICE 2. Secuencias de la Región Control.....	32
APÉNDICE 3. Secuencias del gen Citocromo- <i>b</i>	36

ÍNDICE DE TABLAS Y FIGURAS

CUADRO 1. Criterios para definir a las especies con base en su nivel de divergencia.....	2
CUADRO 2. Intervalos de medidas del ala, cola y el culmen expuesto para las dos subespecies del complejo <i>Icterus spurius</i>	6
CUADRO 3. Distancias genéticas dentro y entre subespecies que componen el complejo <i>Icterus spurius</i> , usando secuencias de DNA mitocondrial de la Región Control y el gen Citocromo <i>b</i>	13
CUADRO 4. Resultados de la AMOVA (Excoffier <i>et al.</i> , 1992). Índices de fijación (F_{ST}) para <i>I. s. spurius</i> e <i>I. s. fuertesi</i> basados en las secuencias correspondientes a la Región Control.....	16
CUADRO 5. Valores de F_{ST} para el "Grupo Estadounidense" y el "Grupo Mexicano" basados en las secuencias correspondientes a la Región Control.....	16
FIGURA 1. Ejemplificación del proceso de especiación.....	3
FIGURA 2. Complejo <i>Icterus spurius</i>	5
FIGURA 3. Mapa de distribución correspondiente al complejo <i>Icterus spurius</i>	7
FIGURA 4. Sitios de colecta.....	10
FIGURA 5. Red de relaciones filogenéticas sin raíz para la secuencias correspondientes a la Región Control (RC), obtenido del análisis en PAUP* usando Máxima Parsimonia.....	17
FIGURA 6. Árbol Filogenético correspondiente a las secuencias de Citocromo <i>b</i> (Cit- <i>b</i>), obtenido del análisis en PAUP* usando Máxima Parsimonia.....	18
FIGURA 7. Árbol Filogenético correspondiente a la combinación de las secuencias de RC y Cit- <i>b</i> , obtenido del análisis en PAUP* usando Máxima Verosimilitud.....	19
FIGURA 8. Árbol Filogenético correspondiente a la combinación de las secuencias de RC y Cit- <i>b</i> , obtenido del análisis en PAUP* usando Consenso Estricto.....	20

INTRODUCCIÓN

El proceso de especiación ha sido y es tema central de muchas de las discusiones que aún prevalecen entre los biólogos y filósofos modernos. El término especiación fue empleado por primera vez en 1906 por el entomólogo Orator F. Cook y describía el proceso en el cual hubo un origen o multiplicación de especies por subdivisión, frecuentemente, si no siempre, como resultado de incidentes ambientales (Cook, 1906). Pese a esto, y de acuerdo con Berlocher (1998), fue hasta 1940 que el término fue aceptado después de haber aparecido en el título de un simposio (Cole, 1940) y después de 34 años de haber sido usado constantemente.

Actualmente, la especiación se define como el proceso mediante el cual aparecen nuevas especies (Harrison, 1998) o el proceso mediante el cual nuevas especies comienzan a existir (de Queiroz, 1998). No obstante, la gran polémica que ha despertado este proceso desde sus inicios es en sí sobre el establecimiento de cuál es el evento que induce dicha divergencia, ya que hasta nuestros días se han descrito varios tipos de especiación que resaltan distintos eventos como los responsables de esta divergencia (Ruiz, 1999; Morrone, 2003). En ornitología, el tipo de especiación con mayor aceptación es la especiación alópatrida (Mayr, 1963), la cual está basada en el mismo incidente ambiental al que Cook (1906) hizo referencia y que postula la formación de nuevas especies como consecuencia del aislamiento geográfico. Asimismo, este evento al cual hace hincapié este tipo de especiación podría considerarse como uno de los eventos que comprende el proceso de especiación (de Queiroz, 1998) y que para la mayoría de los casos, éste podría ser considerado como el iniciador de la divergencia en las poblaciones (Mayr, 1963; de Queiroz, 1998).

Esta polémica se vuelve más compleja al involucrar los conceptos y definiciones de especie, debido a que, como en los tipos de especiación, cada concepto y/o definición de especie tiene su propio énfasis (de Queiroz, 1998; Harrison, 1998). Pese a esto, y de acuerdo con de Queiroz (1998), los varios eventos o fenómenos que éstos y éstas enfatizan son todos los aspectos o propiedades de un solo concepto llamado Concepto de Linaje General de Especie (CLGE). El cual, considera a los eventos o fenómenos como los criterios que se deben considerar a la hora de definir a las especies (Cuadro 1). No obstante y así como en los demás conceptos y definiciones, el CLGE parece tener un "pero", el cual podría radicar en que no todos los eventos ocurren al mismo tiempo y, por lo tanto, no todos los criterios se pueden aplicar conjuntamente. Sin embargo, este "pero" no cabe dentro del CLGE, ya que debido a que el proceso de especiación es un "proceso

temporalmente extendido" (Figura 1) puede o no existir en él un desfase en los eventos encargados de la divergencia y por lo tanto, los criterios que se aplican para definir a las poblaciones o a las especies dependen de la relación que pueda existir entre ellos y del "nivel de divergencia" en el que las poblaciones se encuentren y no, del número de criterios que éstas hayan acumulado (de Queiroz, 1998).

Cuadro 1. Criterios para definir a las especies con base en su nivel de divergencia, tomado de de Queiroz (1998).

Separación inicial
Cohesión
Entrecruzamiento (aislamiento reproductivo)
Entrecruzamiento activo (aislamiento intrínseco o extrínseco)
Entrecruzamiento potencial (capacidad de cruzamiento/aislamiento intrínseco)
Reconocimiento (aislamiento precigótico)
Viabilidad
Fertilidad
} Aislamiento poscigótico
Zona adaptativa (hábitat)
Monofilia
Apomorfia
Coalescencia de árboles genéticos
Capacidad distintiva
Diagnosticabilidad (Fijación de diferencias)
Agrupación fenética
Agrupación genética

Awise (1987 y 1994) destaca el uso de marcadores moleculares y más específicamente del DNA mitocondrial (mtDNA), para inferir la historia evolutiva de las especies o de las poblaciones. Esto, a partir del registro de los cambios evolutivos que este tipo de marcador puede ser capaz de albergar gracias a su muy particular tipo de herencia y al conjunto de otras características que hacen que el mtDNA sea uno de los genomas más usados actualmente para entender y, en algunos casos, para aclarar las relaciones inter- e intraespecíficas.

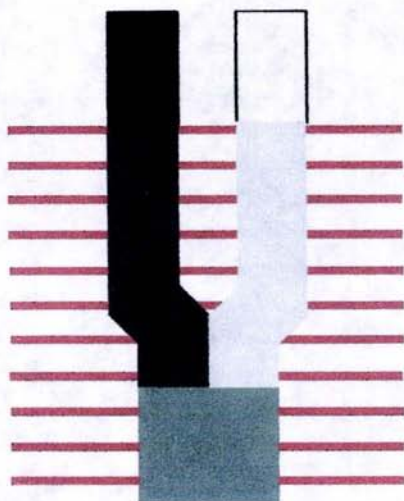


Figura 1. Ejemplificación del proceso de especiación y criterios para definir a las especies. En sí, el proceso de especiación puede esquematizarse como una línea o tronco que se divide en dos y los eventos encargados de esta divergencia que a su vez evocan a los criterios, se pueden representar como líneas perpendiculares. Asimismo, las diferencias de color en el tronco caracterizan a la diferenciación genética. Tomado de Queiroz, 1998.

Asimismo, y con base en los marcadores moleculares, la teoría de coalescencia establece que durante el proceso de especiación hay un reordenamiento de los alelos, o mejor dicho, de las secuencias haplotipo y/o de los sitios de restricción y que todos los haplotipos persistentes pertenecen a una sola matrilinea (Avice, 2001). Este reordenamiento está dado por una distribución azarosa de los haplotipos en el linaje, que a su vez permite presenciar patrones filogenéticos de polifilia y parafilia en estadios tempranos de la divergencia, mientras que al completarse dicha distribución se espera que las poblaciones involucradas manifiesten recíproca monofilia (Neigel y Avice, 1986; Hudson, 1990). De aquí que el estudiar la distribución de los alelos o de los haplotipos para obtener una filogenia con base en la distribución de las frecuencias de éstos, sirva para generar inferencias sobre la estructural poblacional (Harrison, 1998) y para cuantificar la divergencia genética entre las poblaciones (Powell, 1994).

Por último, cabe mencionar que tanto el CLGE como la distribución azarosa de los haplotipos a la que la teoría de coalescencia hace referencia, evocan conjuntamente todos los eventos por los cuales se forman las especies, o mejor dicho, los eventos que caracterizan al proceso de especiación.

ANTECEDENTES

Actualmente, el complejo *Icterus spurius* está constituido por dos subespecies, el bolsero castaño (*Icterus spurius spurius* Linnaeus 1766) y el bolsero canelo (*Icterus spurius fuertesii* Chapman 1911), las cuales fueron descritas originalmente como especies distintas (Miller, 1957), hasta que Blake *et al.* (1968) y la A. O. U. (1983) consideraron que ambas subespecies conformaban la misma especie. Lawrence (1852), posteriormente apoyado por Amadon y Phillips (1947) y Graber y Graber (1954), denominó una tercera subespecie (*I. s. affinis*) para Texas, basándose en diferencias en la longitud del ala y el color del plumaje. No obstante, esta subespecie no fue registrada por Miller *et al.* (1957), Blake *et al.* (1968) y la A.O.U. (1983). Posteriormente, Dickerman y Warner (1962) describieron una cuarta subespecie (*I. s. phillipsi*) basados en un promedio mayor en las medidas del ala y cola, pero Monroe (1968) encontró que esta subespecie es indistinguible de *I. s. spurius*.

Morfología

El plumaje de los machos para ambas subespecies es claramente distinto (Figura 2). Mientras que en *I. s. spurius* los flancos, el pecho, el vientre, la rabadilla, las cobertoras inferiores y superiores de la cola y las escapulares son de color marrón, en *I. s. fuertesii* todas estas partes son de color canela o naranja medio (Howell y Webb, 1995; Jaramillo y Burke, 1999). Las hembras son similares en la coloración del plumaje, pero las hembras de *I. s. fuertesii* son menores en talla que las hembras de *I. s. spurius* (Chapman, 1911).

Respecto a la comparación de los especímenes con base en medidas del ala, la cola y el culmen expuesto se ha observado que *I. s. fuertesii* tiene intervalos de medidas menores que *I. s. spurius* (Cuadro 2), los cuales podrían sustentar la diferenciación en la talla entre estas dos subespecies.



a



b

Figura 2. Complejo *Icterus spurius*. a) macho correspondiente a *Icterus spurius spurius* y b) macho correspondiente a *Icterus spurius fueresi*. Tomado de Jaramillo y Burke, 1999.

Cuadro 2. Intervalos de medidas del ala, cola y culmen expuesto para las dos subespecies del complejo *Icterus spurius* (Chapman, 1911; Graber y Graber, 1954; Jaramillo y Burke, 1999).

Subespecies	Sexo	Rangos		
		Ala (mm)	Cola (mm)	Culmen expuesto (mm)
<i>I. s. fuertesi</i>	♂ Ad.	(68.5-78)	(63.5-73)	(13-17)
<i>I. s. spurius</i>	♂ Ad.	(73-82)	(65-75)	(15-17.5)
<i>I. s. fuertesi</i>	♀ Ad.	(68-73)	(63.5-70)	(14.5)
<i>I. s. spurius</i>	♀ Ad.	(69-81)	(63-74)	(15.2-17.3)

Distribución

Ambas subespecies también difieren en su distribución correspondiente a la temporada reproductiva y de invierno, pues *I. s. spurius* (Figura 3a) anida y se reproduce en el sureste de Canadá, el este y centro de los Estados Unidos de América y en la planicie central de México (Sharf y Kren, 1996), mientras que durante el invierno su distribución es a lo largo de la costa del pacífico mexicano, desde el sur de Sinaloa hasta Chiapas, en el Istmo de Tehuantepec y en la Península de Yucatán, en las Islas del Caribe y en Centro América hasta el norte de Colombia y el noroeste de Venezuela (A.O.U., 1983; Sharf y Kren, 1996; A.O.U., 1998).

En contraste, *I. s. fuertesi* (Figura 3b) anida y se reproduce a lo largo de la costa del Golfo de México, desde el sur de Tamaulipas hasta la parte central de Veracruz, México (A.O.U., 1983; Howell y Webb, 1995; Sharf y Kren, 1996; A.O.U., 1998). Se piensa que *I. s. fuertesi* puede tener migración de distancia corta y que su distribución durante el invierno es a lo largo de la costa del Pacífico desde Guerrero hasta Chiapas (Jaramillo y Burke, 1999).

Hábitat

Los tipos de hábitat que *I. s. spurius* ocupa durante la temporada reproductiva y/o durante el verano abarcan bosques abiertos, sabanas, áreas arbustivas, mezquiales, áreas de cultivo y áreas de vegetación secundaria (A.O.U., 1998, Jaramillo y Burke, 1999). Durante la migración se puede encontrar en cualquier tipo de hábitat, no obstante, *I. s. spurius* parece evitar bosques con doseles muy cerrados y bosques de coníferas (Jaramillo y Burke, 1999). En las zonas de invierno prefiere bosques muy iluminados, bosques secos, matorrales, áreas arbustivas, áreas suburbanas y en los bordes de bosques tropicales (Jaramillo y Burke, 1999).

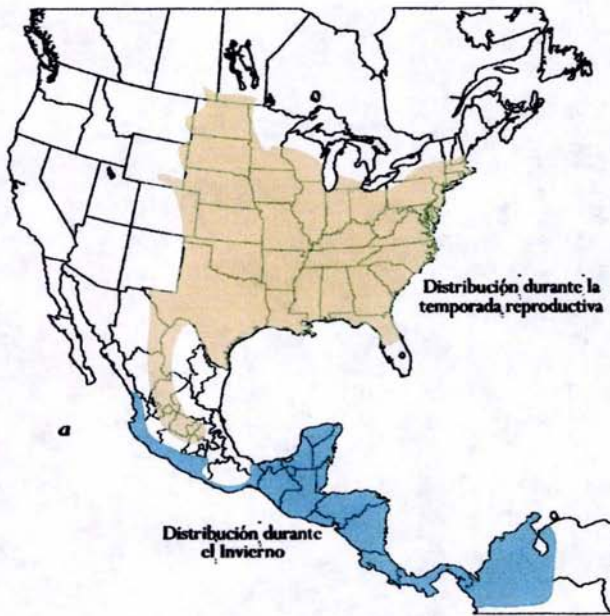


Figura 3. Mapa de distribución correspondiente al complejo *Icterus spurius* (Sharf y Kren, 1996; Jaramillo y Burke, 1999).
 a) distribución de *Icterus spurius spurius* y b) distribución de *Icterus spurius fueresi*.

En cambio, el hábitat que *I. s. fuertesi* ocupa durante la temporada reproductiva es típicamente en áreas con alta densidad de matorrales y arbustos característicos de dunas costeras, no obstante, también puede ser encontrado en las cercanías de áreas de agricultura, áreas urbanas y particularmente en los matorrales de potreros. Durante la migración y durante el invierno, *I. s. fuertesi* ocupa éstos tipos de hábitat pero en las zonas de la costa este de México desde el sur de Tamaulipas hasta el sur de Veracruz y en la costa del Pacífico desde Guerrero hasta Chiapas (Graber y Graber, 1954; Jaramillo y Burke, 1999).

OBJETIVOS

General

Establecer la relación filogenética actual entre *Icterus spurius spurius* e *Icterus spurius fuertesi*, ambas correspondientes al complejo *Icterus spurius*, con base en fragmentos específicos de DNA mitocondrial propios del dominio I de la Región Control y el gen Citocromo *b*.

Particulares

- Identificar el patrón filogenético que presenta el complejo.
- Generar una nueva hipótesis sobre la situación taxonómica actual del complejo.
- Discutir la hipótesis resultante de este trabajo con la información referente a la diferenciación del plumaje de los machos, en tallas, en las áreas de distribución y en el hábitat.

MÉTODOS

Muestras

Se obtuvieron muestras de tejido muscular y epitelial de individuos que representan las dos subespecies mencionadas por la A.O.U. (1998). De las 30 muestras obtenidas, 23 corresponden a la distribución de *I. s. spurius* durante su temporada reproductiva (Figura 4), mientras que las 7 muestras restantes corresponden a los dos extremos, norte y sur, de la distribución que tiene *I. s. fuertesi* durante la temporada reproductiva (Figura 4). Todas estas muestras representan la variación que tiene el complejo *Icterus spurius* (ver Apéndice 1).

Con base en el trabajo de Omland *et al.* (1999) sobre la filogenia molecular del género *Icterus*, se eligieron los grupos externos, los cuales fueron las subespecies *Icterus dominicensis dominicensis* e *Icterus dominicensis prothemelas*, que según ese trabajo son los taxones más cercanamente relacionados con el complejo *Icterus spurius*.

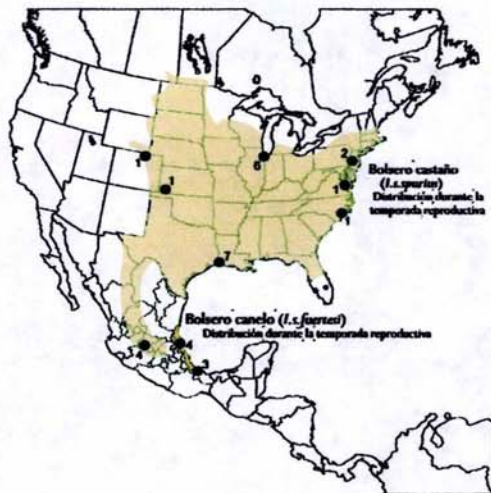


Figura 4. Sitios a los que corresponden las muestra de DNA y número de muestras correspondiente a cada sitio.

Marcadores moleculares

El fragmento correspondiente al dominio I de la Región Control (RC) fue elegido debido a que frecuentemente muestra grandes evidencias en la sustitución de nucleótidos y un alto nivel de

polimorfismo intraespecífico (McMillan y Palumbi, 1997; Lunt *et al.*, 1998). Por otra parte, se eligió el fragmento de Citocromo *b* (Cit-*b*) debido a que es eficaz en trabajos de filogenia y su uso fue comprobado en otros grupos de aves (Moore y DeFilippis, 1997; Omland *et al.*, 1999).

Procedimientos de laboratorio

La extracción del DNA de tejido muscular y de piel se realizó con los Qiaamp Tissue Extraction Kits (Qiagen). Fragmentos específicos de 344 pares de bases (pb) de la RC y 925 pb del gen Cit-*b* correspondientes al genoma mitocondrial fueron amplificados mediante el proceso de PCR (*Polymerasa Chain Reaction*) y usando los siguientes seis oligos (*primers*): el LGL2 y el H417 (Tarr, 1995) para los fragmentos de la RC y el L14990/LB1 (Kocher *et al.*, 1989), el H15424/HSB (Hackett, 1996), el L15350/LCBA (Klicka, com. pers.), y el H15916/HB4 (Lanyon, 1994) para los fragmentos del gen Cit-*b*. Dicha amplificación constó de un ciclo inicial de 4 min a 95°C, 1 min a 50°C y de 45 s a 72°C, seguido por 35 ciclos de 1 min a 95°C, 1 min a 50°C y de 45 s a 72°C y de una extensión final de 10 min a 72°C. Los productos obtenidos del proceso de amplificación fueron purificados usando los QIAquick Kits (Qiagen). Posteriormente, se realizó una secuenciación de los segmentos de la RC y de Cit-*b* en ambas direcciones usando los oligos arriba mencionados y el Big Dye Chemistry [versión 2, Applied Biosystems, Inc. (ABI)], esto siguiendo los protocolos de ABI correspondientes para el ciclo de secuenciación. Los productos obtenidos del ciclo de secuenciación fueron purificados usando el protocolo recomendado por ABI de precipitación con base en etanol. Por último, estos productos fueron secuenciados en el Secuenciador Automático ABI 3100 (ABI) y los cromatogramas obtenidos mediante dicho aparato fueron alineados y confirmados usando SEQUENCHER (Sequencher Sequence Analysis Software versión 4.1; Gene Codes Corp., Inc).

Análisis filogenéticos

El agrupamiento de todas las secuencias fue importado al programa PAUP* (beta-test versión 4.0b8; Swofford, 1999) para realizar los análisis filogenéticos. En este programa se calcularon los valores de las distancias genéticas para ambos fragmentos de DNA, para lo cual, cada conjunto de secuencias correspondientes a la RC y al gen Cit-*b* se analizaron de forma separada usando el análisis de máxima parsimonia (MP). Los análisis de MP se realizaron usando el algoritmo heurístico de búsqueda con 1000 adiciones al azar. Posteriormente, y con base en la prueba de partición homogénea en PAUP*, se determinó si el conjunto de secuencias de la RC y de Cit-*b* era

significativamente incongruente. Esto con el propósito de combinar ambos conjuntos de secuencias y realizar un nuevo análisis de MP y de máxima verosimilitud (MV). Asimismo, no hubo inserciones o deleciones en los conjuntos de secuencias, lo cual no se presentó y todos los caracteres tuvieron el mismo peso. Simultáneamente, se realizó una prueba de proporción de probabilidad jerárquica en el ModelTests (versión 3.04; Posada y Crandall, 1998) para establecer cuál era el mejor modelo de sustituciones en el DNA. De aquí que el modelo que se determinó como el mejor al cual se ajustaba la combinación de secuencias fue el HKY85 + Γ (Hasegawa *et al.*, 1985; Yang, 1994). No obstante, también se usó el algoritmo heurístico de búsqueda con 1000 adiciones al azar para construir el árbol filogenético de MV y para estimar, sucesivamente, los parámetros del árbol filogenético antes de que cualquier topología estable fuese encontrada.

Además, esta combinación de secuencias fue sometida a una prueba de consenso estricto con la finalidad de obtener para las agrupaciones que se formaron, los porcentajes que se consideran como índices de soporte para dichas agrupaciones (Felsenstein, 1985; Li y Zharkikh, 1994). Esta prueba se realizó en el programa de PAUP* utilizando 100 y 1000 repeticiones.

Análisis de genética poblacional

Usando análisis jerárquicos de varianza molecular (AMOVA) (Excoffier *et al.*, 1992), se analizaron los haplotipos de la RC para probar lo significativo de la estructura poblacional. Además, se calculó por parejas y empleando ARLEQUIN (versión 2.0; Schneider *et al.*, 2000), el índice de fijación (F_{ST}) para poblaciones en distintos niveles jerárquicos. Los valores de F_{ST} indican cuanta variación molecular es asignada entre los niveles jerárquicos y provee un límite superior en los niveles relativos al flujo génico que ocurre entre individuos en cada nivel. Para el propósito de este análisis, las dos subespecies del complejo *Icterus spurius* se subdividieron en dos grupos cada una. La subespecie correspondiente a *I. s. spurius*, se dividió en: el "Grupo Estadounidense" que abarcaba poblaciones del este {Pensilvania (PA), Virginia (VA) y Carolina del Norte (NC)}, del centro {Illinois (IL)}, del sur {Louisiana (LA)} y del oeste {Colorado (CO) y Kansas (KS)} y el "Grupo Mexicano" que a su vez, abarcaba la distribución reproductiva de *I. s. phillipsi* en Guanajuato (Gua). Mientras que, la subespecie correspondiente a *I. s. fuertesii*, se dividió en el "Grupo del Norte" (NVer) y el "Grupo del Sur" (SVer), ambas haciendo referencia a los dos extremos de la distribución reproductiva en Veracruz.

RESULTADOS

Secuencias

De las secuencias correspondientes a la RC de 344 pb, 9 sitios equivalentes al 2.62 % fueron variables y 3 equivalentes al 0.87 % fueron parsimoniosamente informativos. Por otra parte, de las secuencias correspondientes a Cit-*b* de 925 pb, 10 sitios equivalentes al 1.08 % fueron variables y 3 equivalentes al 0.32 % fueron parsimoniosamente informativos. Las distancias genéticas mínima y máxima y el porcentaje que se encontraron dentro y entre *I. s. spurius* e *I. s. fuertesii* se muestran en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Distancias genéticas dentro y entre subespecies que componen el complejo *Icterus spurius*, usando secuencias de DNA mitocondrial de la Región Control y el gen Citocromo *b*.

	Región			Citocromo		
	Control			<i>b</i>		
	Mínimo (%)	Máximo (%)	Promedio (%)	Mínimo (%)	Máximo (%)	Promedio (%)
Dentro de <i>I. s. spurius</i>	0.00	0.87	0.30	0.00	0.43	0.19
Dentro de <i>I. s. fuertesii</i>	0.00	0.87	0.27	0.00	0.22	0.12
Entre subespecies	0.00	1.16	0.77	0.00	0.43	0.20

Los aspectos que son importantes resaltar de los resultados representados en el Cuadro 3, es que se puede observar perfectamente una “mínima” diferenciación genética para el caso del gen Cit-*b* y una “evidente” diferenciación genética para el caso de la RC. Curiosamente, esta variación no solo resalta una diferenciación genética, sino que apoya la idea inicial de una diferenciación poblacional o entre subespecies.

Asimismo, estos resultados también evidencian la diferenciación que puede haber entre los marcadores moleculares que se estén usando, ya que como es bien sabido, cada gen o parte del genoma mitocondrial (y del genoma nuclear) tiene su propia tasa de mutación y/o sus propias características que a su vez pueden proporcionar distinta información (Avice, 1994; McMillan y Palumbi, 1997; Lunt *et al.*, 1998). No obstante, la utilización de más de un gen o de una región del genoma permite tener una visión más amplia del estado de las relaciones filogenéticas.

Análisis filogenéticos

De la búsqueda con ponderación indistinta usando el análisis de MP para el conjunto de secuencias correspondientes a la RC, se obtuvo una sola topología que se prefirió presentarla en la modalidad de red de relaciones filogenéticas sin raíz (Figura 5). Esto, debido a que se aprecian mejor las agrupaciones que forman los haplotipos y la mezcla que existe entre ellos y también, por que se puede resaltar la “polarización” de los dos grandes grupos que se formaron sin desmeritar la mezcla de haplotipos. También, se obtuvo de forma separada un árbol filogenético para cada uno de los conjuntos de secuencias de la RC y del gen *Cit-b* (Figura 6), realizando nuevamente una búsqueda con ponderación indistinta usando el análisis de MP. Al mismo tiempo, no se detectó incongruencia significativa entre los dos conjuntos de secuencias ($P = 0.092$), después de haber aplicado la prueba de partición homogénea en PAUP*.

Es evidente que en la red de relaciones filogenéticas para la RC (Figura 5) y en el árbol filogenético de MP para el gen *Cit-b* (Figura 6), hay ciertos haplotipos que caracterizan a cada una de las subespecies. Sin embargo, hay otros haplotipos de ciertos individuos que corresponden a una de las subespecies [esto con base en caracteres morfológicos (Howell y Webb, 1995) y su ubicación en el momento de colecta, ver Apéndice 1], que se agrupan con los haplotipos que conforman el “yacimiento” de variación genética de la subespecie opuesta.

Del análisis de búsqueda con ponderación indistinta usando MP a los que fue sometida la combinación de secuencias (RC y *Cit-b*), se obtuvieron cuatro árboles filogenéticos que mostraban a ambos taxones como grupos polifiléticos y que resultaron ser los árboles filogenéticos más parsimoniosos con 92 pasos de largo. No obstante, se forzó una búsqueda con ponderación indistinta usando MP para generar árboles filogenéticos que mostraran a *I. s. spurius* o a *I. s. fuertesii* como grupos monofiléticos y el resultado fueron ocho árboles filogenéticos de 93 pasos de largo. Una comparación de ambas hipótesis (polifilia versus monofilia) usando la prueba de “Wilcoxon signed-ranks” (Templenton, 1983) de dos colas en PAUP*, no pudo excluir la monofilia para cualquiera de los dos taxones ($P > 0.5$) y mostrar a un taxón parafilético con respecto al otro, pero lo que sí fue posible fue excluir la monofilia para ambos ($P < 0.0001$).

La búsqueda para la combinación de secuencias usando MV encontró un único árbol filogenético ($-\lnl = 2119.52$) con los siguientes parámetros: proporción de transiciones/tranversiones ($ti/tv = 7.2539$; forma de la distribución gama ($\alpha = 0.1574$ y frecuencia empírica de bases (Figura 7). No obstante, éste árbol filogenético es similar a los árboles

filogenéticos generados de los análisis de búsqueda con ponderación indistinta usando MP que se les aplicó a cada uno de los conjuntos de secuencias y representa que los haplotipos están intermezclados, aunque una de las cosas que vale la pena resaltar, es que en este árbol filogenético hay una mejor visión de la “tendencia” que la evolución esta llevando a cabo para estas dos subespecies.

Del doble análisis estadístico de consenso estricto hecho en PAUP* para la combinación de ambos conjuntos de secuencias, se obtuvo el mismo árbol filogenético (Figura 8) que muestra el mayor índice de soporte estadístico para una de las agrupaciones correspondiente a *I. s. fuertesii*, la cual ha sido constante en todas las representaciones graficas. No obstante, el haplotipo NVer-2 correspondiente también a *I. s. fuertesii* se mantuvo agrupado en todas las representaciones graficas con los haplotipos correspondientes a *I. s. spurius*, lo cual evidencia una incompleta distribución de los haplotipos en el linaje.

Análisis de genética poblacional

Los análisis sobre la estructura geográfica usando ARLEQUIN revelan una significativa diferenciación genética entre *I. s. spurius* e *I. s. fuertesii* ($F_{ST} = 0.608$, $P < 0.00001$) (Cuadro 4). Asimismo, no se encontró evidencia de una diferenciación genética dentro de las poblaciones para ambas subespecies ($P > 0.75$), incluyendo la comparación entre el Grupo Estadounidense y el Grupo Mexicano ($P > 0.5$) que sugiere que *I. s. spurius* es una sola población (Cuadros 4 y 5).

Dentro de este tipo de estudios y muy particularmente en este estudio que presenta una mezcla poblacional de haplotipos (Figuras 3, 4, 5 y 6), uno de los aspectos más preocupantes era probar la estructura genética poblacional con el fin de evidenciar el grado de flujo génico entre las poblaciones. Esto se infirió a través de un análisis de varianza molecular (AMOVA, Excoffier *et al.*, 1992) y los resultados obtenidos (Cuadro 4) sugieren fuertemente que hay una pequeña probabilidad o nula de intercambio génico entre las poblaciones de ambas subespecies con un estimado de 0.3 migrantes por generación.

Por otra parte, los resultados obtenidos (Cuadro 5) sugieren que las poblaciones correspondientes a *I. s. spurius* no presentan una diferenciación genética y que dentro de todo el rango de distribución hay un intenso intercambio de genes. Esto es compatible con lo hallado por Monroe (1968) que descarta a *I. s. phillipsi* como una tercera subespecie para el complejo y que establece que *I. s. spurius* es una sola población.

Cuadro 4. Resultados de la AMOVA (Excoffier *et al.*, 1992). Índices de fijación (F_{ST}) para *I. s. spurius* e *I. s. fuertesii* basados en las secuencias correspondientes a la Región Control.

Fuente de variación	Componentes de discrepancia	Porcentaje de variación	F_{ST}	P
Entre subespecies	0.78589	60.75	0.608	< 0.000001
Entre poblaciones / Dentro de las subespecies	-0.02338	-1.81	-0.046	0.75269
Entre individuos / Dentro de las poblaciones	0.53054	41.03	0.590	0.00196

Cuadro 5. Valores de F_{ST} para el "Grupo Estadounidense" y el "Grupo Mexicano" basados en las secuencias correspondientes a la Región Control.

Fuente de variación	Componentes de discrepancia	Porcentaje de variación	F_{ST}	P
Entre grupos	0.01238	2.40	0.024	0.22581
Entre poblaciones / Dentro de los grupos	-0.01204	-0.024	-0.024	0.46432
Entre individuos / Dentro de los grupos	0.51587	99.93	0.00066	0.56403

Red de Relaciones Filogenéticas para Región Control
(Máxima Parsimonia)

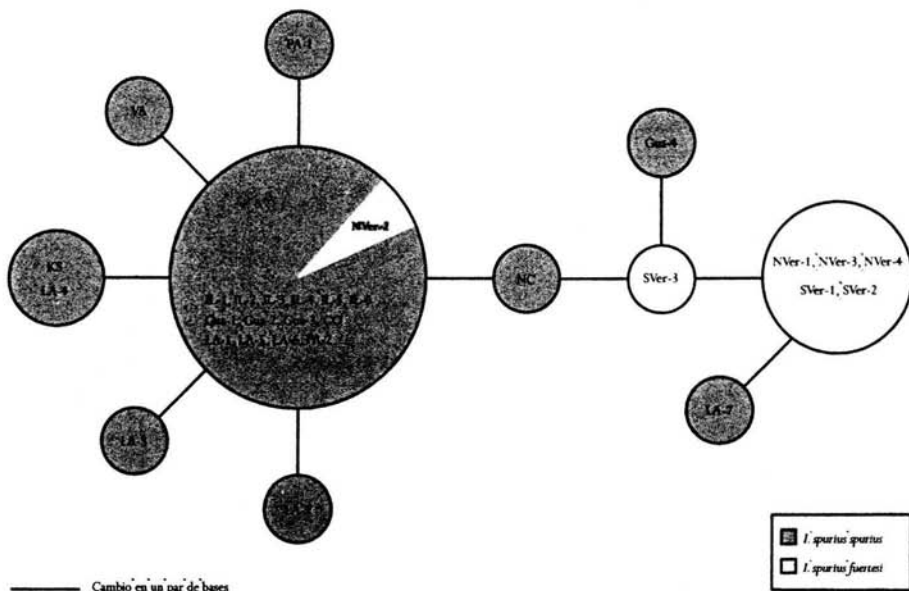


Figura 5. Red de relaciones filogenéticas sin raíz para la secuencias correspondientes a la Región Control (RC), obtenido del análisis en PAUP* usando Máxima Parsimonia. El largo de las ramas corresponde a un cambio en un par de bases y las frecuencias de los haplotipos esta indicada por el área de los círculos.

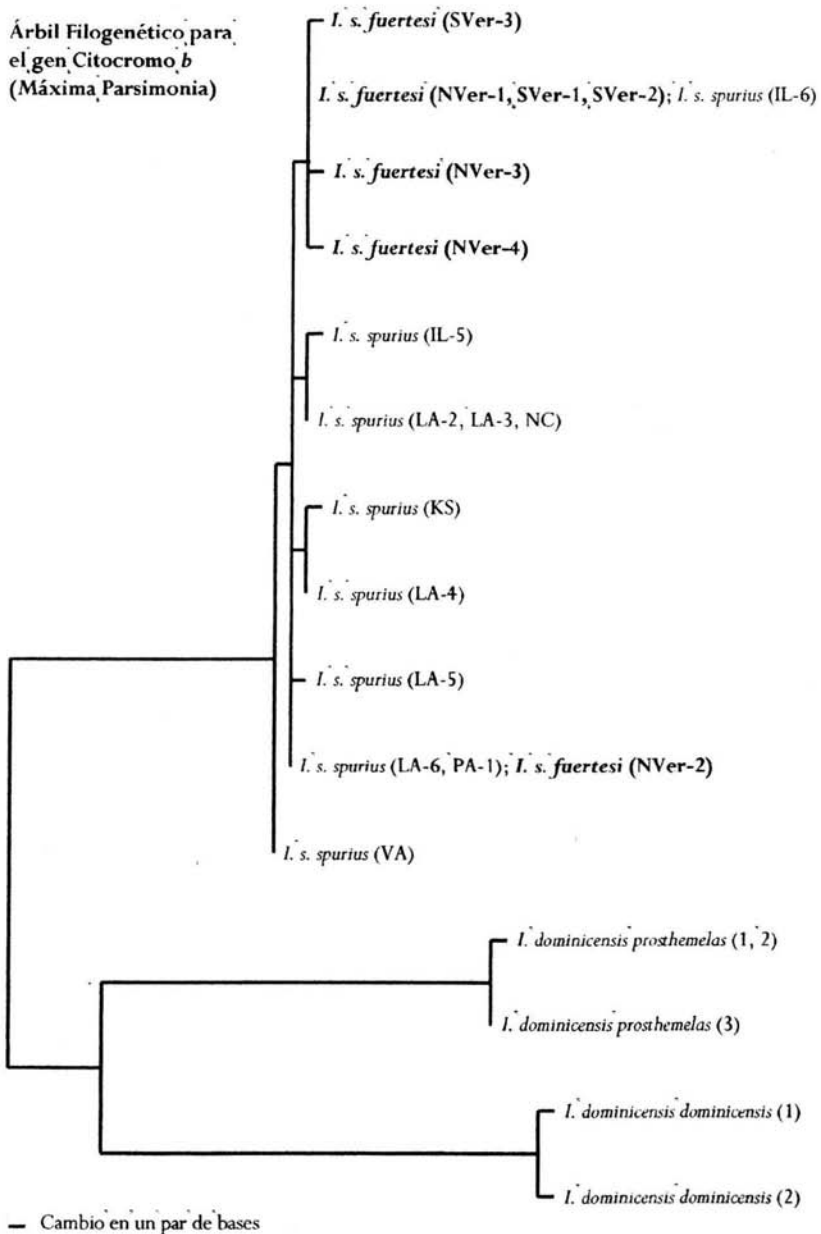


Figura 6. Árbol filogenético correspondiente a las secuencias de Citocromo *b* (Cit-*b*), obtenido del análisis en PAUP* usando Máxima Parsimonia.

Árbol Filogenético para la Combinación de
Región Control y Citocromo *b*
(Máxima Verosimilitud)

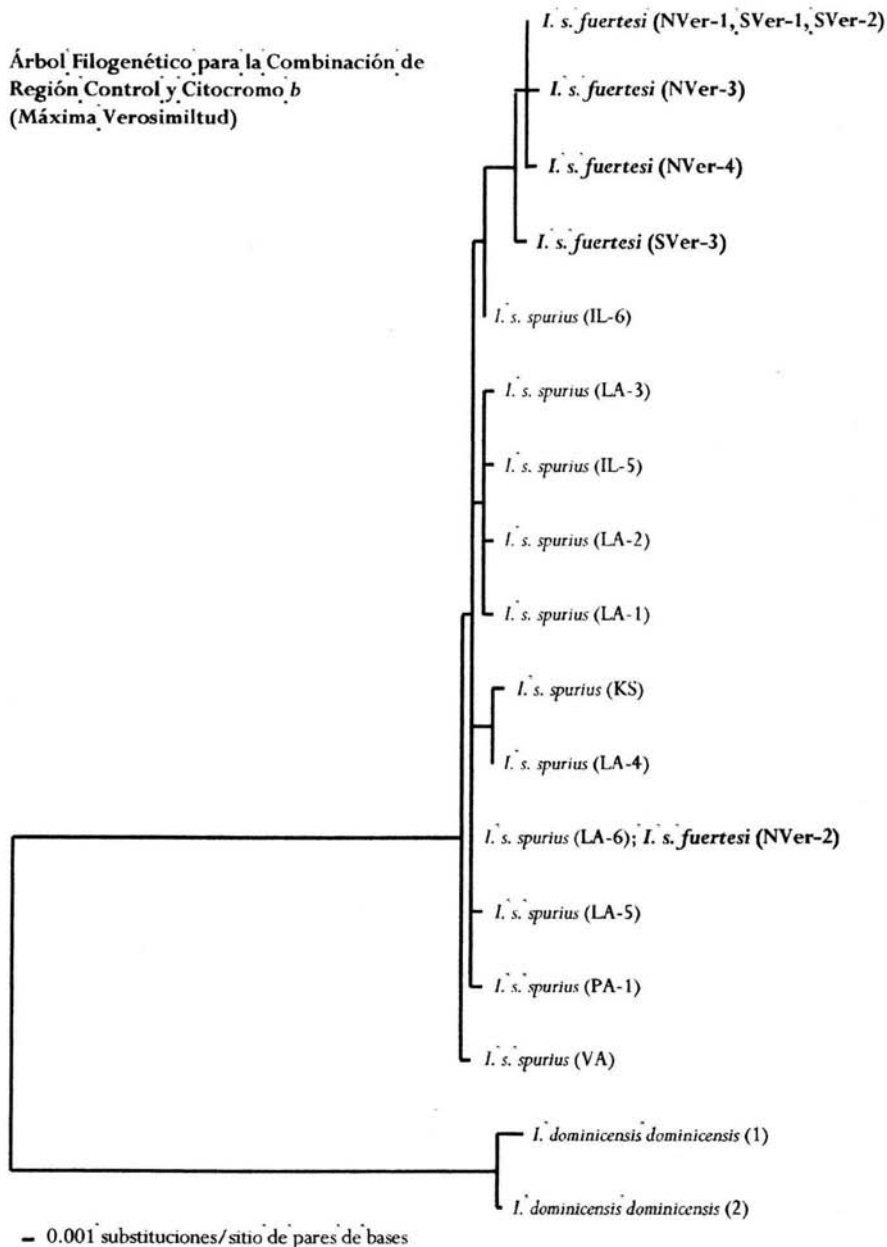


Figura 7. Árbol filogenético correspondiente a la combinación de las secuencias de RC y Cit-*b*, obtenido del análisis en PAUP* usando Máxima Verosimilitud.

Máxima Parsimonia para la
Combinación de Datos
(Consenso Estricto)

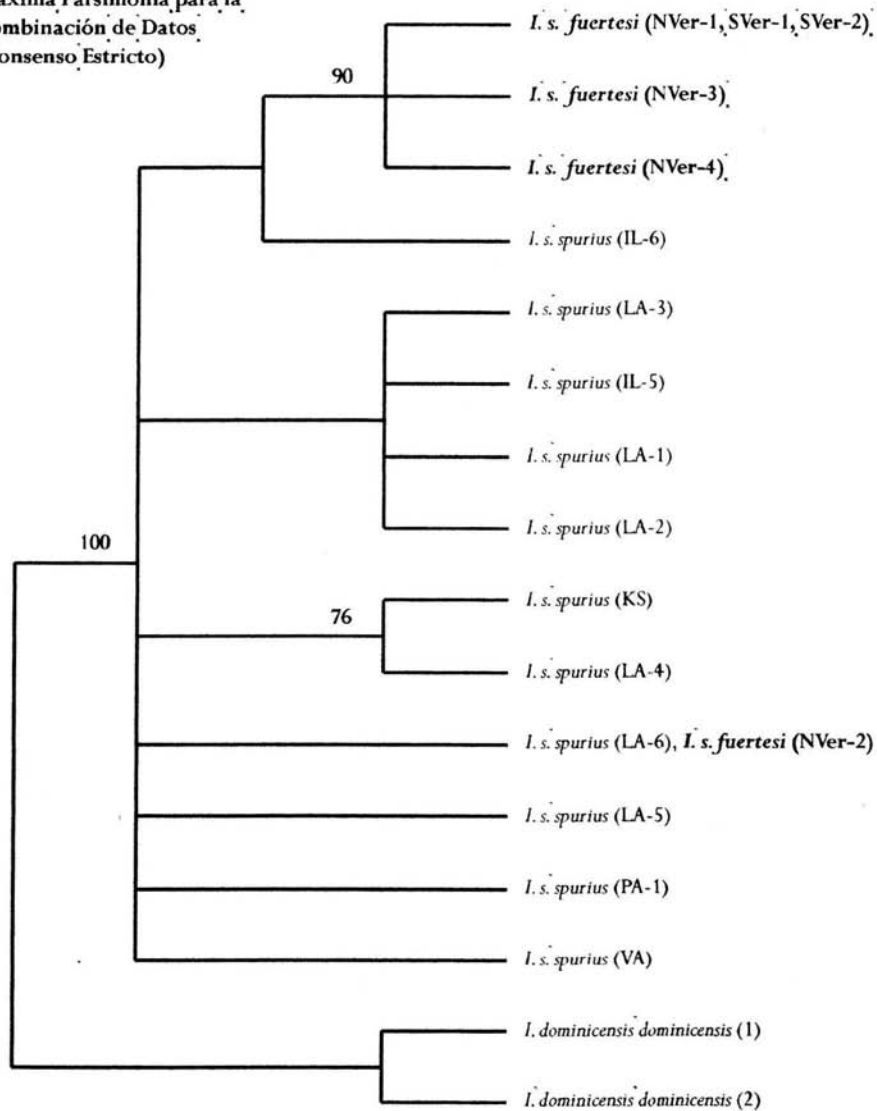


Figura 8. Árbol filogenético correspondiente a la combinación de las secuencias de RC y Cit-b, obtenido del análisis en PAUP* usando Consenso Estricto.

DISCUSIÓN

Reciente divergencia

Con base en los resultados obtenidos, el patrón filogenético que presentan y que actualmente predomina entre las dos grandes poblaciones de este complejo, es un patrón de polifilia (Figuras 5, 6 y 7). Dicho patrón es pronosticado para estadios tempranos de divergencia por parte de la teoría de coalescencia (Neigel y Avise, 1986; Hudson, 1990). No obstante, existen propuestas muy respetadas que argumentan que el único patrón filogenético que representa una “verdadera divergencia”, es el de monofilia (Rosen, 1979; Mishler y Brandon, 1987; Nixon y Wheeler, 1990; Smith, 1994; Baum y Shaw, 1995). Sin embargo, el 17 % de todas las aves y el 23 % de todas las especies de animales no presentan patrones de monofilia para el mtDNA (Funk y Omland, 2003).

Esta disputa por querer establecer un solo patrón filogenético que funcione para definir a las especies oculta la verdadera disputa, la cual debe ser centrada en la idea de que las poblaciones pasan por distintos patrones filogenéticos durante el proceso de divergencia (Neigel y Avise, 1986, Hudson, 1990). Sin embargo, hay que tener cuidado debido a que dependiendo de la “agresividad” que puedan manifestar los eventos encargados de la divergencia, se pueden o no presentar todos los patrones filogenéticos en las poblaciones involucradas.

Asimismo, cada especie tiene su propia historia evolutiva, la cual es determinada por la manifestación de los eventos encargados de la especiación, dando como resultado especies con distinto grado de divergencia (Avise et al., 1987; Avise 2001). Esto, puede ejemplificarse mejor si recordamos la Figura 1, en la cual las especies o en este caso las poblaciones, pueden con base en los eventos encargados de la divergencia acomodarse en distintos niveles de la “Y”. Por lo que, en este caso, las dos grandes poblaciones del complejo de *Icterus spurius*, se acomodan en la base de la bifurcación. Esto, con base en el patrón de polifilia resultante de todos los análisis a los que fueron sometidos los fragmentos específicos de mtDNA (Figuras 5, 6 y 7).

Tiempo de divergencia

Klicka *et al.* (2001) sugieren que una interpretación temporal de la filogenia con base en marcadores moleculares requiere de una “brusca” y constante tasa de sustituciones de bases entre los taxones. Asumiendo la tasa de divergencia de un millón de años por cada 1.6 % de divergencia entre las secuencias (Fleischer et al., 1998), se estimó con base en la máxima distancia génica de 0.43 %

en las secuencias de *Cit-b*, que *I. s. spurius* e *I. s. fuertesi* comenzaron su proceso de divergencia a partir de un ancestro común hace 200,000 años atrás. Esta estimación coincide con la última glaciación del Pleistoceno que al parecer fue una de las principales protagonistas que propició la radiación de los vertebrados en Norte América (Avice y Walter, 1998; Avice *et al.*, 1998; Milá *et al.*, 2000) y muy en especial, la de los Passeriformes (Klicka y Zink, 1997 y 1999).

Cabe mencionar que los factores que pueden incrementar el grado de divergencia entre las poblaciones dependen de grandes periodos de tiempo en la interrupción del flujo génico y con un tamaño pequeño de la población efectiva (Hudson, 1990).

Límites de especies

Lo complicado que puede ser establecer los límites de especies, radica en la controversial indecisión que genera el no estar seguro cuál concepto y/o definición de especie escoger que se ajuste mejor o que sirva más para establecer y explicar estos límites. No obstante, la posible solución para este conflicto y que además tiene un gran sustento teórico, es la propuesta que considera que todos los eventos o fenómenos en los que estos conceptos y definiciones están fundamentados, hacen referencia a un solo concepto, el CLGE (de Queiroz, 1998). Y es justamente este trabajo, el que proporciona un excelente ejemplo para aplicar esta propuesta, ya que con base en los resultados obtenidos y con la previa información, se pueden resaltar los criterios que ambas poblaciones cumplen para establecer los límites de especie y que a su vez, evidencian la divergencia que ha ocurrido entre ellas.

El criterio que necesita ser aplicado a primera vista es el de capacidad distintiva, ya que es evidente que cada una de las dos poblaciones presenta una fijación de caracteres en lo que corresponde a la coloración de los machos adultos (Howell y Webb, 1995; Jaramillo y Burke, 1999). Este carácter proporciona distinguibilidad a cada una de las poblaciones (Cracraft, 1983), manifestando al mismo tiempo una agrupación fenética (Sokal y Crovello, 1970). De igual modo, trabajos anteriores resaltan una posible agrupación fenética para cada población con base en caracteres merísticos (Chapman, 1911; Graber y Graber, 1954; Jaramillo y Burke, 1999).

El segundo criterio que puede ser aplicado con base en información muy general es el de cohesión, ya que tanto los hábitos migratorios y la distribución de las poblaciones durante la temporada reproductiva (Jaramillo y Burke, 1999), permiten un posible aislamiento reproductivo, que a su vez permite que haya un entrecruzamiento activo entre los individuos de cada población y

no entre los individuos de poblaciones distintas. Asimismo y con base en los resultados del análisis de genética poblacional, existe una mínima o nula posibilidad de que pueda haber actividad de intercambio génico entre las dos poblaciones. No obstante, se ha comprobado que pueden existir poblaciones o especies diferenciadas genéticamente y/o morfológicamente que mantienen un limitado flujo génico como evidencia de una cercana relación filogenética y que dicha habilidad no debería ser tomada en cuenta a la hora de establecer los criterios para definir a las especies (Zink y McKittrick, 1995; Burns, 1998). Incluso, hay especies reconocidas con extensas zonas de hibridación, en las cuales las especies involucradas no están cercanamente relacionadas (Zink, 1994; Freeman y Zink, 1995). Otro aspecto importante que está relacionado con el criterio de cohesión, es el relacionado con la zona adaptativa (Van Valen, 1976), ya que los tipos de hábitat resultan ser contrastantes para ambas poblaciones (Graber y Graber, 1954; A.O.U., 1998, Jaramillo y Burke, 1999), al igual que el tamaño del área que cada población ocupa y la abundancia de cada una de éstas.

El siguiente criterio que cumple este complejo y que evidencia la diferenciación genética presente entre sus dos poblaciones es el de coalescencia, no obstante, de Queiroz (1998) sugiere que este criterio es exclusivo para poblaciones que manifiesten patrones de monofilia y por lo tanto, así debería llamarse. Sin embargo, con base en la teoría de coalescencia (Neigel y Avise, 1986, Hudson, 1990) las poblaciones pueden presentar patrones filogenéticos de polifilia o parafilia en estadios tempranos de la divergencia y que el alcanzar patrones que manifiesten una recíproca monofilia esta completamente relacionado con los otros criterios y con el tiempo (Neigel y Avise, 1986, Avise, 2001), por lo que, se recomienda cambiar el criterio de monofilia por el criterio de coalescencia debido a que este si hace referencia a la transición de los haplotipos por los distintos patrones filogenéticos al igual que a la coalescencia de árboles genéticos.

Por último, parece ser que tanto los cambios en la coloración del plumaje como hábitos migratorios se desarrollan dentro de periodos de tiempo relativamente cortos. Para el caso de *I. s. spurius*, se sabe que la coloración del plumaje es importante en la búsqueda de pareja, por lo que la selección sexual podría estar jugando un papel trascendental en la fijación de nuevos caracteres de coloración en el plumaje (Enstrom, 1993), asimismo, como una rápida adaptación a un hábitat determinado (Van Valen, 1976). No obstante, también se requiere de más trabajo de campo que ayude a encontrar nuevas evidencias que sirvan para reforzar las ya contempladas.

CONCLUSIONES

- Los patrones de polifilia que presentaron todos los análisis de este trabajo evidencian una distribución incompleta de los haplotipos en el linaje.
- La monofilia no es el único patrón filogenético que pueden presentar las poblaciones durante su proceso de divergencia.
- El flujo génico debe de ser considerado como un indicador del grado de la divergencia y no como requisito para que la divergencia ocurra.
- La combinación de más de un conjunto de secuencias correspondientes a genes distintos, permite tener una visión más amplia de la filogenia de las especies.
- La conjunción de la variación genética resultante de es trabajo con los datos ya existentes sobre morfología, ecología y hábitos migratorios, permiten reconocer a *Icterus spurius* e *Icterus fuertesi* como especies distintas que presentan un reciente proceso de divergencia.

LITERATURA CITADA

- American Ornithologists' Union. 1983. Check-list of North American Birds, Sexta Edición. Allen Press/American Ornithologists' Union, Lawrence.
- Avise, J. C., J. Arnold, R. M. Ball, E. Bermingham, T. Lamb, J. E. Neigel, C. A. Reeb y N. C. Saunders. 1987. Intraspecific Phylogeography: The Mitochondrial DNA Bridge Between Population Genetics and Systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics* 18:489-522.
- Avise, J. C. 1994. *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Chapman and Hall, Nueva York.
- Avise, J. C. y D. Walker. 1998. Pleistocene Phylogeographic Effects on Avian Populations and the Speciation Process. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B* 265: 457-463.
- Avise, J. C., D. Walker y G. C. Johns. 1998. Speciation Durations and Pleistocene Effects on Vertebrates Phylogeography. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B* 265: 1707-1712.
- Avise, J. C. 2001. *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press. Cambridge, Massachusetts.
- Baum, D. A. y K. L. Shaw. 1995. Genealogical perspectives on the species problem. Pp. 289-303. *En: Monographs in Systematic Botany from the Missouri Botanical Garden, No. 53*. (P. C. Hoch y A. G. Stephenson; Editores). Missouri Botanical Garden, San Luis.
- Berlocher, S.H. 1998. Origins. A brief history of the research of the speciation. Pp. 3-15. *En: Endless Forms: Species and Speciation* (D.J. Howard y S.H. Berlocher; Editores). Oxford University Press, Oxford.
- Blake, E. R., J. C. Greenway, T. R. Howell, G. H. Lowery, E. Mayr, B. L. Monroe, R. A. Paynter, A. L. Rand y M. A. Taylor. 1968. Check-List of Birds of the World. A continuation of the Work of James L. Peters. Volumen XIV. (R. A. Paynter; Editor). The Haffernan Press, Inc. Worcester, Massachusetts.
- Burns, K. J. 1998. Molecular Phylogenetics of the Genus *Piranga*: Implications for Biogeography and the Evolution of Morphology and Behavior. *The Auk* 115 (3): 621-634.
- Chapman, F. M. 1911. Description of a new oriole (*Icterus fuertesi*) from Mexico. *Auk* 28:1-4.
- Cole, L.J. 1940. The relation of the genetics to geographic distribution and speciation; speciation I. Introducción. *American Naturalist* 74:193-197.

- Cook, O. F. 1906. Factors of the species-formation. *Science* 23:506-507.
- Cracraft, J. 1983. Species Concepts in Systematics and Speciation Analysis. *Current Ornithology* 1: 159-187.
- Dickerman, R. W., y D. W. Warner. 1962. A new Orchard Oriole from Mexico. *Condor* 64:311-314.
- De Queiroz, K. 1998. The General Linage Concept of Species, Species Criteria, and the Process of the Speciation: A conceptual Unification and Terminological Recommendations. Pp. 57-75. *En: Endless Forms: Species and Speciation* (D.J. Howard y S.H. Berlocher; Editores). Oxford University Press, Oxford.
- Enstrom, D. A. 1993. Female Choice for Age-Specific Plumage in the Orchard Oriole: Implications for Delayed Plumage Maturation. *Animal Behavior* 45: 435-442.
- Excoffier, L., P. E. Smouse y J. M. Quattro. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: Applications to human mitochondrial restriction region. *Genetics* 131: 479-491.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence Limits on Phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution* 39: 783-791.
- Fleischer, R. C., C. E. McIntosh y C. L. Tarr. 1998. Evolution on a volcanic conveyor belt: Using phylogeographic reconstructions and K-Ar-bases ages of the Hawaiian Islands to estimate molecular evolutionary rates. *Molecular Ecology* 7: 533-545.
- Freeman, S. y R. M. Zink. 1995. A Phylogenetic Study of the Blackbirds Based on Variation in Mitochondrial DNA Restriction Sites. *Systematics Biology* 44: 409-420.
- Funk, D. J. y K. E. Omland. 2003. Species-Level Paraphyly and Polyphyly: Frequency, Causes and Consequences, with Insights from Animal Mitochondrial DNA. *The Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics* 34: 397-423.
- Graber, R. R. y J. W. Graber. 1954. Comparative Notes on Fuertes's and Orchard Orioles. *Condor* 56: 274-282.
- Hackett, S. J. 1996. Molecular phylogenetics and biogeography of tanagers in the genus *Ramphocelus* (Aves). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 5:368-382.
- Harrison, R. G. 1998. Linking Evolutionary Pattern and Process: The Relevance of Species Concepts for the Study of Speciation. Pp. 19-31. *En: Endless Forms: Species and Speciation* (D.J. Howard y S.H. Berlocher; Editores). Oxford University Press, Oxford.

- Hasegawa, M., K. Kishino y T. Yano. 1985. Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution* 21: 160-174.
- Howell, S. N. G., y S. Webb. 1995. *A Guide to the Birds of Mexico and Northern Central America*. Oxford University Press, Oxford.
- Hudson, R. R. 1990. Gene genealogies and the coalescent process. Pp. 1-44. *En: Oxford Surveys in Evolutionary Biology*, No. 7 (D. J. Futuyma y J. Antonovics; Editores). Oxford University Press, Nueva York.
- Jaramillo, A., y P. Burke. 1999. *New World Blackbirds: The Icterids*. Princeton University Press, Princeton.
- Klicka, J. y R. M. Zink. 1997. The importance of recent ice ages in speciation: A failed paradigm. *Science* 277: 1666-1669.
- Klicka, J. y R. M. Zink. 1999. Pleistocene effects on North American songbird evolution. *Proceedings of the Royal Society, London, Series B* 366: 695-700.
- Klicka, J., A. J. Fry, R. M. Zink y C. W. Thompson. 2001. A Cytchrome-*b* Perspectives on *Passerina* Bunting Relationships. *The Auk* 118 (3): 611-623.
- Kocher, T. D., W. K. Thomas, A. Meyer, S. V. Edwards, S. Paabo, F. X. Villablanca, and A. C. Wilson. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in mammals: Amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences, U.S.A.* 86: 6196-6200.
- Lanyon, S. M. 1994. Polyphyly of the blackbird genus *Agelaius* and the importance of assumptions of monophyly in comparative studies. *Evolution* 48: 679-693.
- Laerence, G. H. 1852. Description of New Birds of the Genera *Conirostrum* D'Orb. et Lafr., *Enbernagra* Less., and *Xanthornus* Briss. *Ann. Lyc. Nat. Hist.* 5: 112-117.
- Li, W.-H. y A. Zharkikh. 1994. What is the bootstrap technique? *Systematic Zoology* 43: 424-430.
- Lunt, D. H., L. E. Whipple y B. C. Hyman. 1998. Mitochondrial DNA variable number tandem repeats (VNTRs): Utility and problems in molecular ecology. *Molecular Ecology* 7: 1441-1455.
- Mayr, E. 1963. *Animals species and evolution*. Belknap Press. Cambridge.
- McMillan, W. O. y S. R. Palumbi. 1997. Rapid rate of control-region evolution in Pacific butterflyfishes (Chaetodontidae). *Journal of Molecular Evolution* 45: 473-484.

- Miller, A. H., H. Friedmann, L. Griscon y R.T. Moore. 1957. Distributional Check-List of the Birds of Mexico. Parte 2. Pacific Coast Avifauna No. 33. Cooper Ornithological Society.
- Monroe, B. L. 1968. A Distributional Survey of the Birds of Honduras. Allen Press/American Ornithologists' Union, Lawrence.
- Mishler, B. D. y R. N. Brandon. 1987. Individuality pluralism and the phylogenetic species concept. *Biology and Philosophy* 2: 397-414.
- Morrone, J. J. 2003. El lenguaje de la cladística. Dirección General de Publicaciones y Fomento Editorial, Facultad de Ciencias, U.N.A.M. México.
- Neigel, J. E. y J. C. Avise. 1986. Phylogenetic relationships of the mitochondrial DNA under various demographic models of speciation. Pp. 515-534. *En: Evolutionary Processes and Theory* (S. Karlin y E. Nevo; Editores). Academic Press, San Diego.
- Nixon, K. C. y Q. D. Wheeler. 1990. An amplification of the phylogenetic species concept. *Cladistics* 6: 211-223.
- Omland, K. E., S. M. Lanyon y S. J. Fritz. 1999. A Molecular Phylogeny of the New World Orioles (*Icterus*): The Importance of Dense Taxon Sampling. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 12: 224-239.
- Posada, D. y K. A. Crandall. 1998. ModelTest: Testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* 14: 818-818.
- Powell, J. R. 1994. Molecular techniques in population genetics: a brief history. Pp. 131-156. *En: Molecular ecology and evolution: approaches and applications* (B. Schierwater, B. Streit, G. P. Wagner y R. Desalle; Editores). Birkhäuser Verlag, Basel.
- Rosen, D. E. 1979. Fishes from the uplands and intermontane basins of Guatemala: Revisionary studies and comparative geography. *Bulletin of the American Museum of Natural History* 162: 267-376.
- Ruiz, G.R. 1999. Especiación: teorías, modelos y polémicas. Pp. 203-229. *En: La Evolución Biológica* (J. Núñez-Farfán y L.E. Eguiarte; Compiladores). Facultad de Ciencias e Instituto de Ecología, U.N.A.M.
- Scharf, W. C., y J. Kren. 1996. Orchard Oriole (*Icterus spurius*). Pp. 1-24. *En: The Birds of North America*, no. 255 (F. Gill y A. Poole; Editores). Academy of Natural Sciences, Philadelphia, y American Ornithologists' Union, Washington.

- Schneider, S., D. Roessli y L. Excoffier. 2000. Arlequin: A Software Package for Population Genetics. Versión 2.0. Universidad de Geneva, Geneva.
- Smith, A. B. 1994. Systematics and the Fossil Record. Documenting Evolutionary Patterns. Blackwell Scientific Publications, Oxford.
- Sokal, R. R. y Crovelo T. J. 1970. The biological species concept: A critical evaluation. *American Naturalist* 104: 127-153.
- Swofford, D. L. 1999. PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and Other Methods). Versión 4.0 b8. Sinauer Associates, Sunderland Massachusetts.
- Tarr, C. L. 1995. Primers for amplification and determination of mitochondrial control-region sequences in oscine passerines. *Molecular Ecology* 4:527-529.
- Templeton, A. R. 1983. Phylogenetic inference from restriction endonuclease cleavage site maps with particular reference to the evolution of humans and the apes. *Evolution* 37: 221-244.
- Van Valen, L. 1976. Ecological Species, multispecies and Oaks. *Taxon* 25: 233-239.
- Yang, Z. 1994. Maximum likelihood phylogenetic estimation from DNA sequences with variable rates over sites: Approximate methods. *Journal of Molecular Evolution* 39: 306-314.
- Zink, R. M. 1994. The Geography of the Mitochondrial DNA Variation, Population Structure, Hybridization and Species Limits in the Fox Sparrow (*Passerina iliaca*). *Evolution* 48: 96-111.
- Zink, R. M. y M. C. McKittrick. 1995. The Debate over Species Concepts and its Implications for Ornithology. *The Auk* 112 (3): 701-719.

APÉNDICE 1

Información básica de cada muestra.

Taxón	Museo*	Número de Catálogo	Región Control	Número de acceso***	Citocromo-b	Localidad
<i>I. s. fuesati</i> (NVer-1)	MZFC	15535	AY211221	AY211206	México, N de Veracruz, Tecolutla	
<i>I. s. fuesati</i> (NVer-2)	MZFC	15534	AY211222	AY211207	México, N de Veracruz, Tecolutla	
<i>I. s. fuesati</i> (NVer-3)	MZFC	15533	AY211223	AY211208	México, N de Veracruz, Tecolutla	
<i>I. s. fuesati</i> (NVer-4)	MZFC	15532	AY211224	AY211209	México, N de Veracruz, Tecolutla	
<i>I. s. fuesati</i> (SVer-1)	BMNH	13565	AY211218	AY211214	México, S de Veracruz, Tlacoalpan	
<i>I. s. fuesati</i> (SVer-2)	MZFC	42538	AY211219	AY211215	México, S de Veracruz, Tlacoalpan	
<i>I. s. fuesati</i> (SVer-3)	MZFC	13568	AY211220	AY211245	México, S de Veracruz, Tlacoalpan	
<i>I. s. spurius</i> (CO)	LSUMZ	B-3980	AY211229	-----	E.U.A., Colorado, Weld Co.	
<i>I. s. spurius</i> (IL-1)	FMNH	383513	-----	-----	E.U.A., Illinois, Cook Co.	
<i>I. s. spurius</i> (IL-2)	FMNH	383514	AY211231	-----	E.U.A., Illinois, Cook Co.	
<i>I. s. spurius</i> (IL-3)	FMNH	389579	AY211232	-----	E.U.A., Illinois, Cook Co.	
<i>I. s. spurius</i> (IL-4)	FMNH	364644	AY211233	-----	E.U.A., Illinois, Cook Co.	
<i>I. s. spurius</i> (IL-5)	FMNH	390351	AY211235	AY211197	E.U.A., Illinois, DuPage Co.	
<i>I. s. spurius</i> (IL-6)	FMNH	381975	AY211234	AY211198	E.U.A., Illinois, Cook Co.	
<i>I. s. spurius</i> (LA-1)	LSUMZ	B-5929	AY211230	AY211199	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (LA-2)	LSUMZ	B-6377	AY211236	-----	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (LA-3)	LSUMZ	B-6378	AY211237	AY211200	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (LA-4)	LSUMZ	B-6379	AY211238	AY211201	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (LA-5)	LSUMZ	B-6380	AY211239	AY211202	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (LA-6)	LSUMZ	B-6382	AY211240	AY211203	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (LA-7)	LSUMZ	B-4464	AY211241	AY211204	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (NC)	NCSM	15229	AY211242	-----	E.U.A., Louisiana, Cameron Co.	
<i>I. s. spurius</i> (PA-1)	ANSP	10125	AY211243	AY211205	E.U.A., North Carolina, Pender Co.	
<i>I. s. spurius</i> (PA-2)	ANSP	10147	AY211244	AY211210	E.U.A., Pennsylvania, Bucks Co.	
<i>I. s. spurius</i> (VA)	ANSP	10210	AY211245	AY211211	E.U.A., Pennsylvania, Bucks Co.	
<i>I. s. spurius</i> (KS)	UKMNH	91051	AY211246	-----	E.U.A., Virginia, Accomack Co.	
				-----	E.U.A., Kansas, Seward Co.	

<i>I. s. spurius</i> (Gua-1)	MZFC	5439	AY211247	-----	México, Guanajuato, Santiagoullo
<i>I. s. spurius</i> (Gua-2)	MZFC	5440	AY211226	-----	México, Guanajuato, Santiagoullo
<i>I. s. spurius</i> (Gua-3)	MZFC	5474	AY211227	-----	México, Guanajuato, San Pedro de los Narajjos
<i>I. s. spurius</i> (Gua-4)	MZFC	5454	AY211225	-----	México, Guanajuato, Santiago Maravatis
<i>I. d. prosthemelas</i> (1)	MZFC	13573	-----	AY211212	México, Campeche, Xpujil
<i>I. d. prosthemelas</i> (2)	BMNH	42543	-----	AF099289	México, Campeche, Xpujil
<i>I. d. prosthemelas</i> (3)	BMNH	42542	-----	AY211213	México, Yucatán, Chichenitza
<i>I. d. dominicensis</i> (1)	MVZ	178920	AY211216	AY211195	Republica Dominicana, Samana
<i>I. d. dominicensis</i> (2)	NKK**	1112	AY211217	AY211196	Republica Dominicana, Peravia

* Esta columna corresponde a las iniciales de los Museos a los que pertenece cada muestra: Academy of Natural Sciences, Philadelphia (ANSP); J.F. Bell Museum of Natural History, University of Minnesota (BMNH); Field Museum of Natural History (FMNH); Louisiana State University Museum of Zoology (LSUMZ); Museum of Vertebrate Zoology (MVZ); Museo de Zoología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México (MZF); North Carolina State Museum (NCSM) y University of Kansas Natural History Museum (UKNHM).

** Esta muestra corresponde a las iniciales de Nedra K. Kleinj quien la colectó el 8 de julio de 1998. Asimismo, esta muestra se encuentra bajo la custodia del Dr. Kevin E. Omland de la University of Maryland, Baltimore County.

*** Números de acceso para el GenBank.

APÉNDICE 2

Secuencia de 344 pares de bases de la Región Control para cada muestra de *I. s. spurius* e *I. s. fuertesi*.

mzfc15595	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc15534	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc15533	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc15532	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc13565	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
bmnh42538	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc13568	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb3980	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
fimnh38513	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
fimnh38514	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
fimnh389579	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
fimnh384644	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
fimnh390351	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
fimnh381975	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
uknhm91051	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb5929	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb6377	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb6378	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb6379	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb6380	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb6382	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
lsunzb8464	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
ncsm15229	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
ansp10125	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
ansp10147	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
ansp10210	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc5439	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc5440	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc5474	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc5454	GAAATGTAGGATAATCCATATCATAGTCATGCTCCACCAAAAACCCAAACATTATCTCCAAAACCGGACCTCATTTGGCCATCAACCCCAACCCAGG
mzfc15595	AACAATCTTGTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCAAGGGCAAGCCGGAAGCGTCAACCAAGAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc15534	AACAATCTTGTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCAAGGGCAAGCCGGAAGCGTCAACCAAGAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc15533	AACAATCTTGTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCAAGGGCAAGCCGGAAGCGTCAACCAAGAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA

mzfc15532 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc13565 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
bmnh42538 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc13568 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB3980 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
fnnh383513 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
fnnh383514 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
fnnh389579 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
fnnh384644 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
fnnh390351 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
fnnh381975 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
uknlhm91051 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB5929 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB6377 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB6378 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB6379 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB6380 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB6382 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
lsunzB8464 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
ncsm 15229 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
ansp10125 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
ansp10147 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
ansp10210 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc5439 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc5440 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc5474 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc5454 AACATTCCTTGTTTCAGGTACCATAGAGCCAGATCTTCTACCCAAAGGCCAAAGCCGCAAGCGTCAACCCAAAGACCCAGGAACCTTATCAACTATACATA
mzfc15595 ACTTCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGACCCAAACAG
mzfc15534 ACCCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGGCGCAACAG
mzfc15533 ACTTCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGACCCAAACAG
mzfc15532 ACTTCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGGCGCAACAG
mzfc13565 ACTTCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGACCCAAACAG
bmnh42538 ACTTCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGGCGCAACAG
mzfc13568 ACTTCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGGCGCAACAG
lsunzB3980 ACCCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGGCGCAACAG
fnnh383513 ACCCCAACTAGAAACGAGGAATGTCCCAAGCACACTTTGAAITCCCTTAGACTACAGGATTCGCCCACTTCCCTTAGTAAATATTCAGGCGCAACAG

fmnh383514 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
fmnh389579 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
fmnh384644 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
fmnh390351 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
fmnh381975 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
ukhnm91051 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
lsnmzB5929 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
lsnmzB6377 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
lsnmzB6378 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
lsnmzB6379 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
lsnmzB6380 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
lsnmzB8464 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
ncsn 15229 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
ansp10125 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
ansp10147 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
ansp10210 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
mzfc5439 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
mzfc5440 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
mzfc5474 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG
mzfc5454 ACCCCAA CCTAGAGAACGAGGAATGTCCAGCAACCTTTGAAITCCCCTAGACTACAGGATTCGCCCACTCTAGGTAATATTCAGGGCCAAACAG

mzfc15595 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
mzfc15534 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
mzfc15533 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
mzfc15532 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
mzfc13565 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
bmnh42538 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
mzfc13568 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
lsnmzB3980 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
fmnh383513 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
fmnh383514 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
fmnh389579 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
fmnh384644 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
fmnh390351 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
fmnh381975 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT
ukhnm91051 CCTTCAAGAAACCCAAAGCCAGAGAACCGGTTATTTATGATCGCGCTT

lsunzB5929 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
lsunzB6377 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
lsunzB6378 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
lsunzB6379 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
lsunzB6380 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
lsunzB6382 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
lsunzB8464 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
ncsm15229 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
ansp10125 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
ansp10147 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
ansp10210 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
mzfc5439 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
mzfc5440 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
mzfc5474 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT
mzfc5454 CCTTCAAGAAACACCCAAAGCCAGAGAAACCGGTTATTTATTGATCGCGCTT

APÉNDICE 3

Secuencia de 925 pares de bases del gen Citocromo-b para algunas muestras de *I. s. spurius*, todas de *I. s. fuertesi* y todas de los grupos externos.

mzfc15595	C	T	T	C	G	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C
mzfc15534	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
mzfc15533	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
mzfc15532	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
mzfc13565	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
bmnh42538	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
mzfc13568	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
fmnh390351	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
fmnh381975	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
uknhm91051	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
ismzb-6377	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
ismzb-6378	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
ismzb-6379	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
ismzb-6380	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
ncsm 15229	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
ansp10125	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
ansp10147	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
mzfc13573	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
bmnh42542	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
mvz178920	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
nkk1112	C	T	T	C	G	G	T	C	C	T	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	T	A	C	A	T	A	C	A	G	C	A	G	A	C	C	A	C	C	T	A	G	C	T	T	T	C			
mzfc15595	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
mzfc15534	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
mzfc15533	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
mzfc15532	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
mzfc13565	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
bmnh42538	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
mzfc13568	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
fmnh390351	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
fmnh381975	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									
uknhm91051	T	C	C	T	T	C	G	G	T	C	C	A	A	T	C	A	C	T	A	A	T	C	G	G	T	T	C	T	T	G	T	A	G	C	C	A	A	T	C	G	C	A	A	T	C	G	A	C	C	T	C	T	T	T	C									

lsumzB-6377 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 lsumzB-6378 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 lsumzB-6379 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 lsumzB-6380 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 lsumzB-6382 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 ncsn 15229 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 ansp 10125 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 ansp 10147 TCCGTGGCTCACATCTGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 mzfc 13573 TCTGTGGCCACATATGCCGAGATGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGTAACCTCCATGCAAAACGGAGCCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 bmnH42542 TCTGTGGCCACATATGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 mvz 178920 TCCGTGGCTCACATATGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC
 nkk1112 TCCGTGGCTCACATATGCCGAGACGTAACAATTGGGCTGACTCAITTCGGAACTCCATGCAAAATGGAGCCCTCCTTTTTCITTCATCTGCATCTACCTTC

mzfc 15595 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 mzfc 15534 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 mzfc 15533 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 mzfc 15532 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 mzfc 13565 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 bmnH42538 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 fmnH390351 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 fmnH381975 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 ulnHm91051 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 lsumzB-6377 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 lsumzB-6378 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 lsumzB-6379 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 lsumzB-6382 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 ncsn 15229 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 ansp 10125 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 ansp 10147 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 mzfc 13573 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 bmnH42542 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAACATCGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 mvz 178920 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAATGTGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT
 nkk1112 ACATCGGCCGAGGCATCTACTACGGCTCATACCTATACAAAGAAACCTGAAATGTGGAGTCAATCCTCCTCTAGCTCTCATAGCAACTGCCTTTGT

lsuzB-6382
ncsn 15229
ansp 10125
ansp 10147
mzfc 13573
bmnH42542
mvz 178920
nkki 1112

mzfc 15595
mzfc 15534
mzfc 15533
mzfc 15532
mzfc 13565
bmnH42538
mzfc 13568
fmnh390351
fmnh381975
ukuhm 91051
lsuzB-6377
lsuzB-6378
lsuzB-6379
lsuzB-6380
lsuzB-6382
ncsn 15229
ansp 10125
ansp 10147
mzfc 13573
bmnH42542
mvz 178920
nkki 1112

mzfc 15595
mzfc 15534
mzfc 15533

ESTA TESIS NO SALE
DE LA BIBLIOTECA

mzf15532 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 mzf15535 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 bnmh42538 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 mzf15568 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 fimb390351 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 fimb381975 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 uknhm91051 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 lsumzB-6377 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 lsumzB-6378 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 lsumzB-6379 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 lsumzB-6380 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 lsumzB-6382 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 ncsn15229 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 ansp10125 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 ansp10147 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 mzf13573 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 bnmh42542 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 mvz178920 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA
 nkkl112 TAAAGACATCTAGGATTTGTCTAATACTCTCCCTGCTCGTCTCACTAGCTCTATTCTCCCAAACTCCTAGGACCCAGAAAATTTCAACCCCA

mzf15595 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 mzf15534 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 mzf15533 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 mzf15532 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 mzf13565 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 bnmh42538 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 mzf13568 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 fimb390351 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 fimb381975 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 uknhm91051 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 lsumzB-6377 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 lsumzB-6378 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 lsumzB-6379 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 lsumzB-6380 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 lsumzB-6382 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 ncsn15229 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT
 ansp10125 GCCAACCCCTAGTCAACCCCACTCATATCAAGCCCTGAATGATACCTTCCCTATTCCGATATGCCATTTCCGATCTATCCCAAACTAGGAGGGCT

ansp10147 GCCAAGCCCTAGTACCCCACTCATATCAAGCCGTAATGATCTTCCCTATTCGCATATGCCATTCCTCGGATCTATCCCAAAACAACCTAGGAGGGGT
mzfc13573 GCCAAGCCCTAGTACCCCACTCATATCAAAACCCGAATGATCTTCCCTATTCGCATATGCCATTCCTCGGATCTTCCCAAAACAACCTAGGAGGGGT
bmbh42542 GCCAAGCCCTAGTACCCCACTCATATCAAAACCCGAATGATCTTCCCTATTCGCATATGCCATTCCTCGGATCTTCCCAAAACAACCTAGGAGGGGT
mvz178920 GCCAAGCCCTAGTACCCCACTCATATCAAAACCCGAATGATCTTCCCTATTCGCATATGCCATTCCTCGGATCTTCCCAAAACAACCTAGGAGGGGT
nkk1112 GCCAAGCCCTAGTACCCCACTCATATCAAAACCCGAATGATCTTCCCTATTCGCATATGCCATTCCTCGGATCTTCCCAAAACAACCTAGGAGGGGT

mzfc15595 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
mzfc15534 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
mzfc15533 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
mzfc15532 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
mzfc15565 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
bmbh42538 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
mzfc13568 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
fimb390351 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
fimb381975 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
ukhbn91051 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
lsuamzB-6377 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
lsuamzB-6379 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
lsuamzB-6380 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
lsuamzB-6382 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
ncsm15229 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
ansp10125 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
ansp10147 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
mzfc13573 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
bmbh42542 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
mvz178920 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC
nkk1112 ATTAGCTTTAGCCGCTCAATCCTAGTCTTATTCTCATCCCACTACTTCCACATCGAACTACGATCAATAACTTTCCGTCCCTATCGCAATCC

mzfc15595 TGTTCTGAGCCCTAGTGGCAATGTCTTGTCTTAACCTGATGAGCGC
mzfc15534 TGTTCTGAGCCCTAGTGGCAATGTCTTGTCTTAACCTGATGAGCGC
mzfc15533 TGTTCTGAGCCCTAGTGGCAATGTCTTGTCTTAACCTGATGAGCGC
mzfc15532 TGTTCTGAGCCCTAGTGGCAATGTCTTGTCTTAACCTGATGAGCGC
mzfc15565 TGTTCTGAGCCCTAGTGGCAATGTCTTGTCTTAACCTGATGAGCGC
bmbh42538 TGTTCTGAGCCCTAGTGGCAATGTCTTGTCTTAACCTGATGAGCGC

mzfc13568 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
fmnh390351 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
fmnh381975 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
uknhm91051 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
lsumzB-6377 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
lsumzB-6378 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
lsumzB-6379 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
lsumzB-6380 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
lsumzB-6382 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
nesm15229 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
ansp10125 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
ansp10147 TGTTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
mzfc13573 TATTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
bmnh42542 TATTCTGAGCCCTAGTCGCCAATGTCCTTGTCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
mzv178920 TATTCTGGGCCCTAGTCGGCTAATGTCCTTATCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC
nkk1112 TATTCTGGGCCCTAGTCGGCTAATGTCCTTATCCCTAACCTGAGTAGGCCAGC