



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE
MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Instituto de Ecología

**FILOGENIA DE LA FAMILIA *CRACIDAE*:
EL ANÁLISIS MOLECULAR,
MORFOLÓGICO-CONDUCTUAL COMO
ELEMENTO REVELADOR DE NUEVAS
RELACIONES INTERGENÉRICAS**

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE

DOCTORA EN CIENCIAS

P R E S E N T A

CATALINA FRANK HOEFLICH

DIRECTOR DE TESIS: DOCTOR DANIEL PIÑERO DALMAU

MÉXICO, D.F.

MARZO. 2007



Universidad Nacional
Autónoma de México

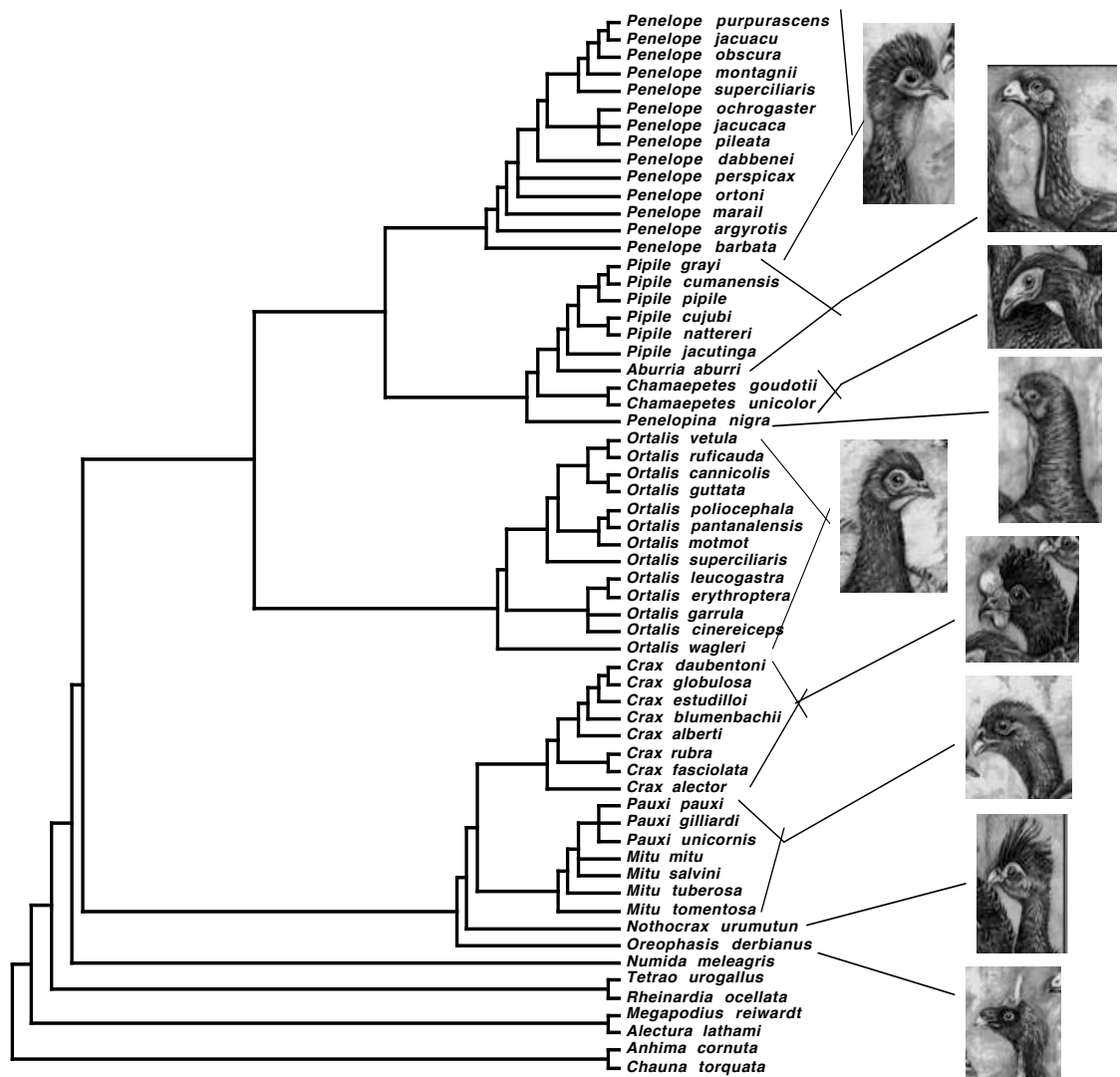


UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

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.



FILOGENIA DE LA FAMILIA CRACIDAE

AGRADECIMIENTOS

- Esta investigación fue apoyada económicamente por el PRUCOBI (Proyecto Universitario de Conservación y Biodiversidad), por el instituto de Ecología de la UNAM y por una beca otorgada por el CONACYT (Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología).
- Mi gratitud a los miembros del Comité Tutorial: Daniel Piñero Dalmau, José Manuel Berruecos Villalobos y Rodrigo Medellín Legorreta quienes siempre estuvieron dispuestos a proponer nuevas ideas y a des-componer esta investigación.
- A Daniel Piñero quien me ofreció seguir estudiando y cumplió como asesor *sui generis* en esta nueva etapa de estudios y de amistad.
- Agradezco enormemente la inspiración que para mí ha sido Jesús Estudillo a lo largo de toda mi vida académica, quien me llevó incluso a estudiar un doctorado “tardío” y que ahora me permite cosechar sus frutos.
- A Luís Fábio Silveira un profundo agradecimiento por compartir conmigo su extraordinario trabajo sobre la osteología de los crácidos y por sus acertados dibujos de las Figuras 3 y 4.
- Con inmensa gratitud a mi inseparable colega y amiga Ana María (García Koch) por su gran apoyo a lo largo de toda mi vida.
- En cuanto al trabajo de laboratorio, agradezco la colaboración desinteresada y divertida de mi querida amiga Laura Ongay-Larios, de Gaudalupe Códiz y de Minerva Mora de la Unidad de Biología Molecular del Instituto de Fisiología Celular de la UNAM; por todo el apoyo, enseñanza y paciencia.
- Un reconocimiento especial a Elena Álvarez-Buylla por su apoyo y amistad inesperada y maravillosa.
- Mi gratitud a Luis Medrano por haber compartido conmigo experiencias académicas de gran utilidad.
- También agradezco la generosa ayuda de Adolfo Navarro Sigüenza, David Gernardt y las ideas novedosas propuestas por Francisco Vergara
- A Juan Berruecos mi agradecimiento por el hermoso dibujo de los crácidos.
- A mis padres, quienes me dieron lo mejor, y a mis hermanos siempre solidarios e incondicionales.
- A mis hijos Jerónimo y Bernardo y a su papá Joaquín Berruecos porque les debo lo mejor que he tenido en esta vida: amor, complicidad, confianza y su maravillosa compañía.
- A Rosalía Nájera que nos ha cuidado con alegría durante todo este tiempo.

Dice Tales de Mileto a Proteo:
“Entrégate al laudable anhelo
de comenzar de nuevo a partir de la creación!
Prepárate para una acción veloz!
Ahí te precipitas según las normas eternas a través de miles y miles de formas,
y para llegar a la de hombre tienes tiempo.”

Goethe, *Fausto*, 8321-8326.



FAMILIA *CRACIDAE*

¿Por qué di en agregar a la infinita
serie un símbolo más? ¿Por qué a la vana
madeja que en lo eterno se devana,
di otra causa, otro efecto y otra cuita?

En la hora de angustia y de luz vaga,
en su Golem los ojos detenía.
¿Quién nos dirá las cosas que sentía
Dios, al mirar a su rabino en Praga?

Jorge Luis Borges – 1958, *El Golem*.

ÍNDICE

Resumen

Abstract

Introducción

Familia *Cracidae*

Tabla 1: Clasificación y Distribución de la Familia *Cracidae*

Sistemática y Cladismo

Sistemática Molecular

Marcadores Moleculares (DNA Mitocondrial)

Muestreo Taxonómico

Caracteres Morfológicos y Conductuales

Tabla 2: Características Generales de los géneros de la Familia *Cracidae*

Objetivos

Antecedentes

Metodología

Datos Moleculares

Tabla 3. Especies muestreadas con el número de acceso del Banco de Genes

Datos Morfológicos y Conductuales

Protocolos caracteres moleculares

Extracción de DNA

PCR

Purificación de DNA

Secuenciación

Caracteres no-moleculares

Osteológicos

Integumentarios y Conductuales

Análisis Filogenético

Máxima Parsimonia

Evidencia total

Análisis Bayesianos

Resultados

Máxima Parsimonia

Árbol molecular (Figura 1)

Árbol Osteológico (Figura 2)

Figura 3: Sinapomorfia osteológica de la clavícula izquierda

Figura 4: Sinapomorfia osteológica del proceso maxilopalatino

Árbol Integumentario y Conductual (Figura 5)

Evidencia total (Figura 6)

Análisis Bayesianos

Figura 7: Evidencia total

Figura 8: excluyendo géneros conflictivos

Discusión

Conservación

Conclusiones

Bibliografía

Apéndice 1 : Caracteres Moleculares

Apéndice 2: Caracteres Osteológicos

Apéndice 3: Caracteres Integumentarios y conductuales

RESUMEN

La familia *Cracidae* pertenece a uno de los grupos más amenazados del mundo. Recientemente se han publicado diversos estudios sobre su evolución y conservación. Los análisis filogenéticos con un fragmento de 661bp del citocromo b mitocondrial para 39 diferentes especies de crácidos, corroboran la mayoría de las relaciones obtenidas en estudios anteriores. Este trabajo intenta refinar las hipótesis filogenéticas anteriores mediante un incremento en el muestreo taxonómico y la combinación de datos moleculares con caracteres osteológicos, integumentarios y conductuales mediante análisis de máxima parsimonia (MP) y Bayesianos. Con los datos moleculares, 152 caracteres osteológicos y 76 caracteres integumentarios y conductuales, se realizaron análisis por separado y combinados con evidencia total. Aunque los resultados favorecen la mayoría de las relaciones propuestas por la hipótesis molecular previa, el árbol obtenido de la matriz combinada sugiere varias modificaciones en los géneros que constituyen a cada una de las dos subfamilias: *Penelopinae* y *Cracinae*, y apoya la fusión del género *Pipile* con *Aburria* y de *Mitu* con *Pauxi*. Estos resultados sugieren que un incremento en el muestreo taxonómico y la inclusión de diferentes tipos de caracteres puede ser tan importante como un gran muestreo de un sólo tipo. Además, de un total de 891 caracteres, se obtuvieron 437 sitios parsimoniosamente informativos (casi la mitad de los sitios analizables) probando la eficacia de un enfoque de evidencia total.

ABSTRACT

The *Cracidae* is one of the most endangered bird families in the World. Several studies have been published recently on the evolution y conservation of cracids. Phylogenetic analyses using a fragment of 661 bp of the mitochondrial *cytochrome b* gene for 39 different species of cracids corroborated most relationships found in previous studies. The present work attempts to refine the former phylogenetic hypothesis by increasing taxon sampling and combining molecular with osteological, integumentary and behavioral characters using Maximum Parsimony (MP) and Bayesian analyses. I present both separate and combined total evidence analyses with the molecular data, 152 osteological and 76 integumentary + behavioral characters. While supporting most aspects of the molecular-based hypotheses, the tree based on the combined matrix suggests several modifications of the generic composition for each of the two subfamilies: *Penelopinae* y *Cracinae*, and supports the merging of the genera *Pipile* with *Aburria* and *Mitu* with *Pauxi*. These results suggest that increased taxon and character sampling from a diversity of sources may be at least as important as increased sampling of only one type. Besides, of a total of 891 characters, 437 were parsimony-informative sites (almost half of the analyzable sites) proving the efficiency of a total-evidence approach.

INTRODUCCIÓN

FAMILIA *CRACIDAE*

Los crácidos se encuentran restringidos a la región Neotropical con una sola especie en la región Neártica. Actualmente se clasifican en once géneros, constituidos por alrededor de 50 especies y cerca de 60 subespecies (del Hoyo *et al.*, 1994); entre ellos, se encuentran los hocofaisanes, los paujiles, las pavas, las cojolitas, los mutunes y las chachalacas. La mayor diversidad de géneros y de especies se concentra en la región noroeste de América del Sur. En México, existen ocho especies de crácidos; cuatro de ellas están en peligro de extinción, y dos son casi exclusivas de este país (Estudillo, 1981, 1988; Tabla 1).

A pesar de pertenecer a uno de los órdenes más conocidos dentro de la clase Aves: los Galliformes, las relaciones filogenéticas de la familia *Cracidae* han sido muy controvertidas. Las diferentes clasificaciones disponibles difieren ampliamente en el número de géneros y especies que se reconocen (Huxley, 1867; Vuilleumier, 1965; Vaurie, 1968; Delacour y Amadon, 1973; Estudillo, 1981, 1988). Además de estas polémicas, en 1990 Sibley & Ahlquist, mediante estudios de hibridación DNA-DNA proponen una nueva filogenia y clasificación de la clase Aves e incluyen a los crácidos y a los megápodos en un nuevo Orden: Craciformes. Recientemente se ha intentado resolver su filogenia mediante estudios moleculares (Pereira *et al.* 2002, Grau *et al.* 2005) y osteológicos (Silveira, 2003), ambos llegan a diferentes conclusiones.

Existe poca literatura sobre este grupo; la recopilación más completa fue la publicada por Delacour y Amadon en 1973. En 2004 se hizo una nueva edición de esta misma obra, que incluye un capítulo actualizado por del Hoyo & Motis donde mantienen la clasificación propuesta en el “Handbook of the Birds of the World” (1994), que a su vez se basa en las propuestas del “Cracid Specialist Group”. De acuerdo con del Hoyo *et al.* (1994) la opción más adecuada para la composición de esta familia sería por dos subfamilias: *Penelopinae*, que incluye a 7 géneros: *Oreophasis*, *Penelopina*, *Aburria*, *Pipile*, *Penelope*, *Ortalis* y *Chamaepetes*; y *Cracinae* con 4 géneros: *Crax*, *Mitu*, *Pauxi* y *Nothocrax*.

TABLA I
CLASIFICACIÓN Y DISTRIBUCIÓN DE LA FAMILIA CRACIDAE
 (Estudillo, 1981; Strahl, 1990 y del Hoyo & Motis. 1994)
 Orden: Galliformes, Suborden: *Craci*, Familia: *Cracidae*

Especies	# de especies	nombre común	Distribución
Género <i>Crax</i> (Linnaeus 1758)	8 especies	hocofaisanes	
<i>Crax rubra</i>			E México S hasta América Central hasta W Colombia y W Ecuador
<i>Crax alector</i>			E Colombia y Venezuela S de R Orinoco; las Guyanas y N Brasil
<i>Crax alberti</i>			N Colombia
<i>Crax daubentoni</i>			N Venezuela (N del R Orinoco) y partes adyacentes de Colombia
<i>Crax fasciolata</i>			NE C & SW Brasil; N Argentina; Paraguay y E Bolivia
<i>Crax globulosa</i>			Cuenca del Amazonas Brasil; SE Colombia; E Ecuador; E Perú y N Bolivia
<i>Crax blumenbachii</i>			SE Brasil
<i>Crax estudilloi</i>			C Bolivia
Género <i>Mitu</i> (Lesson 1831)	4 especies	mutunes	
<i>Mitu mitu</i>			NE Costa de Brasil Alagoas curassow
<i>Mitu tuberosa</i>			Amazonia, S Amazonas extremo SE Colombia, Brasil, Perú y Bolivia
<i>Mitu salvini</i>			SC Colombia; E Ecuador y NE Perú
<i>Mitu tomentosa</i>			Guyana; Venezuela S del Orinoco; NW Brasil y E Colombia

Género <i>Pauxi</i> (Temminck 1812)	3 especies	paujiles	
<i>Pauxi pauxi</i>			NWC & W Venezuela hasta Andes hacia el norte de E Colombia
<i>Pauxi unicornis</i>			Andes en C Bolivia y E Perú?
<i>Pauxi pauxi gilliardi</i>			Ambos lados de las fronteras de Venezuela-Colombia
Género <i>Nothocrax</i> (Burmeister 1856)	1 especie	paujil nocturno	
<i>Nothocrax urumutum</i>			Parte sup y media Amazonas, S Venezuela; SE Colombia; E Ecuador; NE Perú; W & C Brasil
Género <i>Oreophasis</i> (G.R. Gray 1844)	1 especie	pavón o pavo de cacho	
<i>Oreophasis derbianus</i>			SE México y Guatemala
Género <i>Penelopina</i> (Reichenbach 1862)	1 especie	pachita	
<i>Penelopina nigra</i>			S México hasta Nicaragua
Género <i>Chamaepetes</i> (Wagler 1832)	2 especies	pavas de monte	
<i>Chamaepetes goudotii</i>			Andes del N, C, W, SW y S Colombia,, Ecuador, N y C Perú y C Bolivia
<i>Chamaepetes unicolor</i>			Montañas de Costa Rica y Panamá
Género <i>Aburria</i> (Reichenbach 1832)	1 especie	pava	
<i>Aburria aburri</i>			W Venezuela y N Colombia S hasta SC Perú
Género <i>Pipile</i> (Bonaparte 1856)	6 especies?	pava	
<i>Pipile pipile</i>			Trinidad
<i>Pipile kujubi</i>			NC Brasil S del R Amazonas
<i>Pipile jacutinga</i>			SE Brasil; NE Argentina y SE Paraguay
<i>Pipile nattereri</i>			S & W de la Amazonia en W Brasil, hasta la frontera con Bolivia
<i>Pipile grayi</i>			SE Perú; la Amazonia del NC & E Bolivia, SW Brasil y NE Paraguay

<i>Pipile cumanensis</i>			Guyanas; Venezuela S Orinoco; NW Brasil; C & E Colombia; E Ecuador y E Perú
Género <i>Penelope</i> (Merrem 1786)	15 especies	cojolitas o jacús	
<i>Penelope purpurascens</i>			NW, NE y S México, Honduras, Nicaragua; N y NW Colombia; SE Ecuador y E Venezuela
<i>Penelope albipennis</i>			Extremo NW Perú
<i>Penelope perspicax</i>			W & C Andes en Colombia
<i>Penelope ortonii</i>			W Colombia y W Ecuador
<i>Penelope marail</i>			Guyanas; E Venezuela S del Orinoco; N Brasil y SE Venezuela
<i>Penelope jacquacu</i>			Guyana, E-SE Venezuela; NW-W Brasil; E Colombia; E Ecuador; E Perú y N, C-E Bolivia
<i>Penelope ochrogaster</i>			C Brasil (desde Goiás hasta W Minas Gerais y S Mato Grosso).
<i>Penelope pileata</i>			NC Brasil
<i>Penelope dabbeni</i>			S Bolivia y NW Argentina
<i>Penelope jacucaca</i>			Interior del NE Brasil
<i>Penelope superciliaris</i>			NC, E, C, S y extremo S Brasil; E Bolivia; E Paraguay y NE Argentina
<i>Penelope obscura</i>			E y extremo S Brasil; SE Paraguay; NE Argentina y Uruguay; SC Bolivia a NW Argentina
<i>Penelope argyrotis</i>			Sierra Perijá N Colombia y N y W Venezuela
<i>Penelope barbata</i>			S Ecuador y NW Perú
<i>Penelope montagnii</i>			NW Venezuela; N y C Andes en S Colombia; S Ecuador y E Perú
Género <i>Ortalis</i> (Merrem 1786)	13 especies	chachalacas	
<i>Ortalis vetula</i>			S Texas; NE, E, S y SE México; Belice; E Guatemala; Honduras; W Nicaragua y NW Costa Rica
<i>Ortalis garrula</i>			NW Colombia
<i>Ortalis poliocephala</i>			W México (desde S & NE Jalisco ad Colima hasta CS Chiapas)

<i>Ortalis wagleri</i>			W México (desde S Sonora hasta NW Jalisco)
<i>Ortalis leucogastra</i>			Extremo SW México; S Guatemala; El Salvador; S Honduras; NW Nicaragua y NW Costa Rica
<i>Ortalis cinereiceps</i>			E Honduras; E y C Nicaragua; Costa Rica; Panamá y NW Colombia
<i>Ortalis ruficauda</i>			N & NE Colombia; N Venezuela y Tobago
<i>Ortalis erythroptera</i>			W Ecuador; NW Perú y SW Colombia
<i>Ortalis canicollis</i>			E Bolivia, W Paraguay y N Argentina
<i>Ortalis guttata</i>			N, C y E Colombia; E Ecuador; E Perú; N, E y NE Bolivia y E, W & SE Brasil
<i>Ortalis superciliaris</i>			NE Brasil (S del R Amazonas)
<i>Ortalis motmot</i>			S Venezuela; Guyanas y N, S y NC Brasil (N & S del R Amazonas)
<i>Ortalis canicollis pantanalensis</i>			SW Mato Grosso, Brasil

Los crácidos son los únicos miembros de los Galliformes con hábitos arbóreos. Viven en bosques lluviosos y de niebla del Neotrópico a excepción de las chachalacas (*Ortalis*) y de algunas pavas (*Penelope*) que habitan bosques de galería. Una de sus características más notorias es su alto grado de territorialidad, no existe simpatria entre especies del mismo género.

Son aves antiguas y se piensa que sobrevivieron la frontera K-T (del Cretácico al Terciario) hace 65 m.a. (Cooper y Penny, 1997); esta fecha es consistente con la propuesta de Pereira y Baker en 2005. Utilizando un enfoque bayesiano, estos últimos autores estiman que los crácidos se ramificaron de los Galliformes en el Cretácico tardío hace aproximadamente 85 m.a. y que la diversificación de los géneros podría haberse iniciado en el Eoceno. Contraponiéndose a estos argumentos, Mayr (2005) afirma que el registro fósil de aves del Paleogeno (Paleoceno-Oligoceno) no apoya una diversificación del grupo ancestral antes del Oligoceno; a pesar de que los Galliformes se encuentren dentro del taxón más basal de las aves neognatas. Mayr también sostiene que los estudios moleculares recientes que calculan tiempos de divergencia de los taxones ancestrales de los galliformes durante el Cretácico, están sustentados por interpretaciones incorrectas de los fósiles utilizados para la calibración del reloj molecular. Este razonamiento se corrobora con los fósiles más antiguos considerados como crácidos (Mayr, 2005).

Los primeros registros fósiles atribuidos a la familia datan del Terciario, más específicamente del Oligoceno y fueron descubiertos en Dakota del Sur, América del Norte: *Palaeonossax senectus* por Wetmore (1956) y *Procrax brevipes* por Tordoff y MacDonald (1957). Otros registros más recientes (Mioceno y Plioceno) se refieren a géneros más actuales como es el caso de *Ortalis*; en 1954 Brodkorb describió a *Boreortalis*. Vuilleimier (1965) propone que se originaron durante el Terciario en Norteamérica y posteriormente colonizaron Sudamérica. Sin embargo, la carencia de registros fósiles de aves Neotropicales dificulta la tarea notoriamente; se desconoce si eran menos diversos antes del Mioceno o si linajes del Mioceno reemplazaron a linajes más antiguos (Bleiweiss, 1998).

SISTEMÁTICA Y CLADISMO

La sistemática es un intento por detectar, describir y explicar la diversidad del mundo biológico. La formalización de un sistema jerárquico de nomenclatura por Linneo (1758)

estableció un marco de referencia para describirla y categorizarla. En sus inicios este sistema se desarrolló de manera independiente de la teoría evolutiva. Los primeros evolucionistas como Buffon, 1753, se oponían a este sistema; pero Linneo prevaleció y los evolucionistas posteriores como Lamarck (1809), Darwin (1859) y Haeckel (1866) lo adoptaron para construir una clasificación con base en las relaciones filogenéticas. Esta reconstrucción de la historia filogenética estaba basada en muy pocos criterios objetivos y las estimaciones eran solamente posibilidades propuestas por expertos en grupos taxonómicos particulares. En la primera mitad del siglo XX los estudios se enfocaron fundamentalmente a problemas como la especiación y variación geográfica, más que a la filogenia propiamente dicha. La palabra como tal, apareció hasta la publicación del libro "The Modern Synthesis" de J. Huxley en 1942, donde se reconoce que los cambios evolutivos son fenómenos poblacionales y se reafirma la gran importancia de la selección natural.

Durante los años 30, 40 y 50 la situación comenzó a cambiar gracias a los esfuerzos de Zimmermann y Hennig, quienes empezaron a definir métodos objetivos para reconstruir una historia evolutiva basada en atributos compartidos de organismos existentes y fósiles. En los 60, estos y otros métodos se refinaron y se desarrollaron en criterios explícitos para estimar la filogenia. Basados en estos criterios, se calcularon algoritmos que permitieron el análisis de series de datos grandes y complejas.

En los últimos 40 años, los estudios han estado incorporando avances conceptuales y operacionales que permiten realizar una estimación de la filogenia. Actualmente estos estudios no se limitan exclusivamente a las clasificaciones biológicas y han permeado casi todas las disciplinas de la biología utilizo sus métodos filogenéticos para interpretar todo tipo de patrones y procesos.

El cladismo es un método que proporciona hipótesis explícitas y verificables sobre las relaciones entre organismos. Es la metodología utilizada por la sistemática filogenética que busca reconstruir las genealogías y ordenarlas en una clasificación. La tesis fundamental del cladismo es que los miembros de un mismo grupo comparten una historia evolutiva común, razón por la cual se encuentran más cercanamente relacionados entre sí que con otros organismos; esto se manifiesta en las similitudes de los caracteres. Los organismos se relacionan entre sí por compartir caracteres presentes en un ancestro lejano, o por caracteres que se encontraban en la especie que dio origen al grupo del que forman parte.

Hennig llamó a los caracteres primitivos "plesiomórficos" y a los derivados "apomórficos". Para reconocer un carácter apomórfico se realiza una comparación con el

grupo externo o hermano, es decir el más cercano al grupo estudiado. Si el carácter que se observa aparece en este segundo grupo, se considera plesiomórfico, porque se infiere que se encontraba presente en el ancestro común a ambos grupos. Por el contrario, cuyo el carácter examinado aparece sólo en el grupo estudiado se considera apomórfico, y se infiere como una novedad evolutiva. Los grupos que comparten una historia evolutiva se reconocen porque tienen caracteres derivados compartidos o sinapomorfias. Todos los organismos que comparten una sinapomorfia forman un grupo "monofilético". En el presente trabajo el cladismo fue considerado como preferencia metodológica por su carácter integrador , ya que reconoce y emplea la teoría evolutiva como eje rector del análisis.

SISTEMÁTICA MOLECULAR

La filogenética molecular es el estudio que combina la biología molecular con las técnicas estadísticas, para establecer las posibles relaciones evolutivas entre organismos o genes. A principios de los años 60, comenzó el uso extensivo de datos moleculares. En los 70 el advenimiento de las técnicas del DNA recombinante llevaron a una acumulación rápida de caracteres moleculares, estimulando aun más el interés por la sistemática molecular.

Para una mejor comprensión de los procesos evolutivos, es importante saber si la variación genética se ha mantenido o se ha modificado (Li y Graur, 1991). Las causas de variación en las tasas de sustitución de las regiones del DNA están determinadas por dos factores: la tasa de mutación y la probabilidad de fijación de ésta (si es ventajosa, neutral o deletérea). El componente básico del proceso evolutivo es el cambio en las frecuencias de alelos a través del tiempo. La introducción de técnicas moleculares en la sistemática ha tenido un gran impacto; los datos moleculares y su análisis, han demostrado ser un instrumento útil para inferir, tanto la tasa de evolución, como la reconstrucción de la historia evolutiva de los organismos (Hillis *et al.*, 1996).

Los marcadores moleculares aportan conocimientos sobre la cantidad de información genética o del grado de divergencia entre genes. Son útiles para hacer distinciones entre linajes comunes y para desarrollar estudios biogeográficos; como es el caso de la aparición de taxones relacionados en regiones geográficas separadas (Avice, 1994). También permiten hacer inferencias relacionadas con procesos poblacionales y filogenéticos para crear bases de datos comparativos para genes específicos.

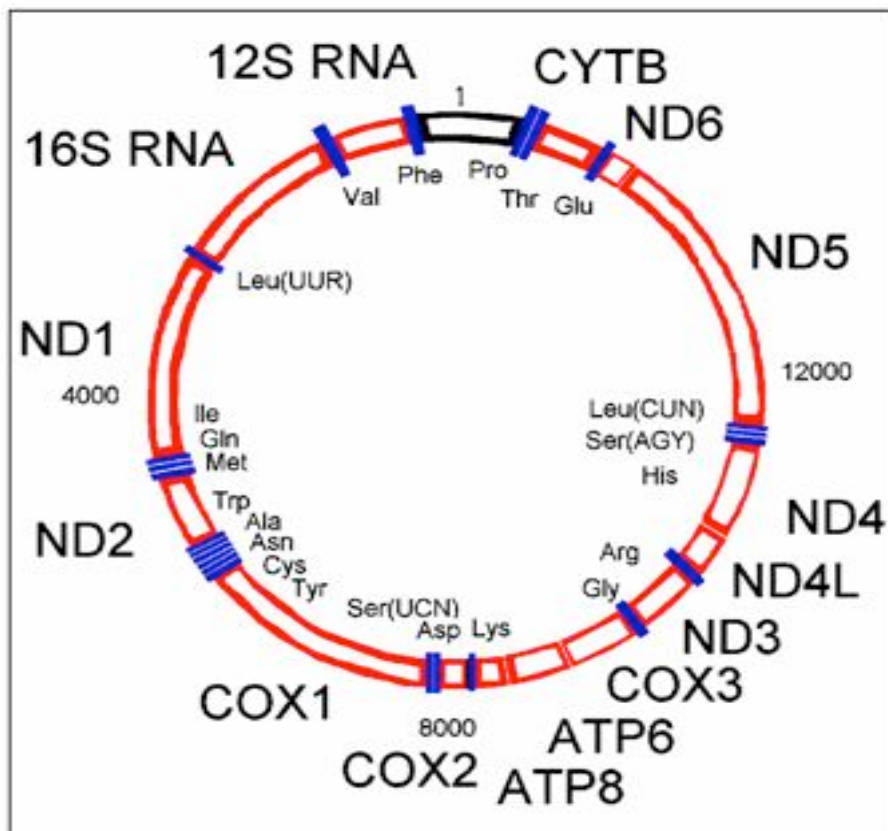
Hillis *et al.* (1996) proponen evaluar la distribución y la naturaleza de la variación dentro y entre grupos para diferentes tipos de loci (genes de evolución rápida *versus* lenta); algunos

resultados funcionarán para niveles taxonómicos superiores y otros para niveles inferiores. La tasa de evolución de un gen, se encuentra íntimamente relacionada con su utilidad filogenética. Un gen con un porcentaje de divergencia bajo, puede presentar muchos sitios de evolución lenta; esto lo hace eficaz para rastrear divergencias antiguas. De manera alternativa, el gen puede presentar pocos sitios que cambian con rapidez; esto lo vuelve útil para identificar divergencias recientes (Helm-Bychowski y Cracraft, 1993, Graybeal, 1994).

MARCADORES MOLECULARES

DNA MITOCONDRIAL

Los genomas de organelos son pequeños y evolucionan de 5 a 10 veces más rápido que el DNA nuclear. Los mtDNA de aves son pequeños, se trata de moléculas circulares, cerradas y de cadena doble de DNA de 16 a 17 kilobases de longitud y están constituidos por una copia única (Sibley y Ahlquist, 1990; Avise, 1994). La diferencia entre distintos genomas mitocondriales se debe a una duplicación en “tandem” de una región de 4.8 kilobases que incluye secuencias reguladoras y genes de RNA de transferencia y ribosomales (Brown, 1983).



La introducción de datos sobre el DNA mitocondrial (mtDNA) a la genética de poblaciones en 1970, ha resultado ser una herramienta muy útil y es particularmente adecuada porque es más sensible a las diferencias genéticas a nivel poblacional, que a nivel individual. Los diferentes genes del genoma mitocondrial evolucionan a diferentes tasas, los que evolucionan rápidamente pueden ser analizados para determinar las relaciones entre poblaciones que divergieron recientemente; mientras que los genes que evolucionan lentamente pueden ser utilizados en cuestiones de sistemática, para especies distantemente relacionadas (Wayne *et al.* 1994).

Numerosos estudios filogenéticos de grupos de aves se han llevado a cabo utilizando DNA mitocondrial como fuente de variación de caracteres; aunque se considera una molécula conservada, presenta una alta tasa de sustituciones sinónimas que incrementan la probabilidad de encontrar sinapomorfias que revelan periodos recientes de ancestría compartida (Moore y DeFilippis 1997). Braun & Kimball (2002) han proporcionado evidencia de que existe una fuerte señal filogenética en los genomas mitocondriales y que ésta es compatible con las opiniones tradicionales sobre la evolución de las aves. La alta tasa de sustitución, la herencia materna y la ausencia de recombinación hacen del mtDNA un marcador particularmente apropiado para rastrear la historia evolutiva reciente, los eventos de colonización, la introducción y los “cuellos de botella” poblacionales (Harrison, 1989).

El citocromo *b* es una proteína presente en la cadena transportadora de electrones; mientras más fuertes sean las restricciones funcionales sobre una macromolécula, más lenta será la tasa de evolución; es un gen conservado, es decir, presenta una baja tasa de mutación. En años recientes, el gen del citocromo *b* (cytb) mitocondrial ha sido seleccionado con frecuencia como marcador genético, porque se ha encontrado que su secuencia es informativa para muchos problemas filogenéticos y taxonómicos de animales; además ha sido utilizado en reconstrucciones filogenéticas más precisas (entre y dentro de géneros), especialmente en taxones de aves cuya especiación ocurrió hace aproximadamente 20 ma (Heidrich *et al.* 1995; Wink, 1995). El cytb no sólo funciona para resolver eventos evolutivos relativamente recientes, sino que podría ser la mejor opción para el estudio de las aves, porque éstas tienden a presentar bajas tasas de divergencia génica comparadas con otros vertebrados (Moore y DeFilippis 1997). Este marcador se ha utilizado ampliamente para la sistemática de las aves, ya que es útil para resolver relaciones a niveles de especies, géneros y familias (Edwards y Wilson 1990; Moore y DeFilippis 1997; Cicero y Johnson, 2001).

MUESTREO TAXONÓMICO

La disponibilidad de datos moleculares para la reconstrucción filogenética se ha incrementado notablemente durante las última décadas y esto ha llevado al desarrollo de nuevas áreas de estudio. Una de ellas es el muestreo taxonómico, el cual ha llegado a ser una herramienta de gran trascendencia para la inferencia filogenética y uno de los temas más controvertidos en la sistemática contemporánea. Para comprender la verdadera filogenia de una familia es muy importante obtener información de la mayor cantidad de taxones posibles dentro de ese grupo. Las hipótesis de parentesco pueden cambiar radicalmente dependiendo qué grupos se incluyan o excluyan del análisis filogenético (Nylander, 2001).

La tentación por resolver problemas filogenéticos con el menor número de taxones posibles debe evitarse, el esfuerzo por ampliar el muestreo taxonómico se recompensa con estimaciones más precisas de su filogenia (Zwickl & Hillis, 2002).

MUESTREO DE DIFERENTES TIPOS DE CARACTERES

DATOS MORFOLÓGICOS Y CONDUCTUALES

A pesar de sus limitaciones metodológicas, en los últimos 2,000 años las clasificaciones jerárquicas se han construido con base en la morfología; y todo indica que reflejan y son congruentes con nodos precisos de la filogenia. Aunque estas clasificaciones también tienen una resolución limitada, proporcionan un marco de referencia para corroborar, resolver y apoyar filogenias moleculares (Jenner, 2004).

El incremento en el uso de datos moleculares para la reconstrucción filogenética es necesario y está bien fundado, pero otro tipo de datos podrían resolver algunos puntos cruciales. Helm-Bychowsky y Cracraft (1993) sugieren que datos de secuencias por sí solos son insuficientes para definir una fuerte señal cladística. Wiens (2004) también sostiene que los datos morfológicos contienen información filogenética útil. La morfología ha sido la fuente primordial de información en la taxonomía tradicional y la biología comparada (Jenner, 2004). Poe y Wiens (2000) afirman: “en los análisis filogenéticos debería incluirse mucha mayor variación morfológica de la que se utiliza actualmente”. Los caracteres morfológicos y moleculares son mutuamente complementarios e igualmente importantes para lograr una estrategia de inferencia filogenética global (Donoghue y Sanderson 1992).

El uso de datos conductuales todavía es polémico; se ha argumentado que carecen de información filogenética, pero un creciente número de estudios apoya que éstos son tan confiables como los caracteres morfológicos y los moleculares (DeQueiroz y Wimberger,

1993; McLennan y Mattern, 2001; Birdsley, 2002). Los evolucionistas modernos consideran los cambios en la conducta como marcapasos importantes del cambio evolutivo; porque el cambio en la conducta genera nuevas fuerzas selectivas que modifican a las estructuras involucradas. La mayoría de las radiaciones adaptativas fueron causadas aparentemente por cambios conductuales.

Grandcolas *et al.* (2001) recomiendan combinar todo tipo de datos en un análisis cladístico formal asignando el mismo peso y confianza a cada uno. Los caracteres no moleculares pueden ayudar a reconocer nodos que no se resolvieron con datos moleculares. Diferentes tipos de caracteres evolucionan a tasas desiguales, en distintos tiempos y a diferentes niveles del linaje (Givnish y Systma 2000).

En la Tabla 2 se describen las características generales de los nueve géneros propuestos en este trabajo para la familia *Cracidae*.

TABLA 2: CARACTERÍSTICAS GENERALES DE LOS GÉNEROS DE LA FAMILIA CRACIDAE (modificado de Frank y García-Koch, 1981).

GÉNERO

CARACTERÍSTICAS GENERALES

CRAX



Los más grandes y más pesados de la familia. Los machos son negros y lustrosos con vientre blanco; las hembras del norte son oscuras y hacia el sur van cambiando paulatinamente hasta presentar colores más claros. Presentan protuberancias en el maxilar superior y carúnculas y/o barbillas amarillas, rojas y azules.; el pico es grande y arqueado. Garganta cubierta de plumas. Todos presentan crestas con plumas rizadas. Carecen de modificación traqueal. Presentan un notorio dimorfismo sexual, excepto *C. alector*. El sonido que emiten varía de tonos muy graves hasta silbidos muy agudos.

PAUXI (MITU)



De tamaño grande, negros y lustrosos. Presentan una protuberancia grisácea derivada del maxilar superior en forma de higo que descansa en la base del cráneo que varía de tamaño o una prolongación del maxilar superior también de varios tamaños que le da al pico un aspecto de hacha. Garganta cubierta de plumas. Los machos presentan modificación traqueal y el dimorfismo sexual no es aparente.

NOTHOCRAX



Género monotípico. Ligeramente más pequeños que los tres anteriores de color rojizo jaspeado. Presentan una cresta larga y rizada. Pico arqueado y rojo. Cara desnuda y brillantemente coloreada. Los machos presentan modificación traqueal y no hay un dimorfismo sexual aparente.

PENELOPE



De tamaño mediano, exceptuando *purpurascens* y *albipennis*. De color café más o menos jaspeado con una papada notoria de color rojizo. Presentan crestas largas y lacias. Las plumas primarias de las alas están ligeramente modificadas. Tanto machos como hembras presentan modificaciones traqueales (excepto *purpurascens* y *albipennis*) que varían notablemente entre diferentes especies.

ABURRIA (PIPILE)



De tamaño mediano. Tienen papadas con diversas coloraciones y formas. Algunos presentan áreas desnudas en la cara con la excepción de *jacutinga* y *aburri*. De color negro y con manchas blancas en las alas, menos *aburri*. Las plumas primarias de las alas están modificadas en forma de hoz. Carecen de modificación traqueal y de dimorfismo sexual.

CHAMAEPETES



De tamaño mediano. Una especie es de color negro lustroso y la otra es de color café rojizo. Áreas desnudas en la cara muy notorias y de coloración brillante. Tienen la garganta cubierta de plumas y una cresta poco desarrollada. No presentan modificación traqueal ni dimorfismo sexual.

PENELOPINA



Género monotípico. De tamaño pequeño. Presentan un notorio dimorfismo sexual. Los machos son de menor tamaño, de color negro lustroso, con crestas pequeñas y una papada muy desarrollada de color rojo igual que el pico y las patas. Las hembras presentan franjas de café más oscuro, una cresta pequeña y carecen de papada. No tienen modificación traqueal.

ORTALIS



Las más pequeñas de la familia, pero el tamaño varía según la especie. Son de colores pardos y grisáceos. Garganta sin papada con una área desnuda que presenta una franja de plumas en el centro. Presentan una cresta corta y recta. Los machos presentan modificación traqueal. Carecen de dimorfismo sexual.

OREOPHISIS



Género monotípico. Tamaño grande, color negro lustroso con el pecho blanco ligeramente jaspeado con negro. Presentan una estructura ósea en forma de cuerno rojo en la base del cráneo y ojos de color nacarado. Con pico grande y curvado cubierto por plumón negro. No presentan modificación traqueal, ni dimorfismo sexual.

Algunas características morfológicas y conductuales muy notorias y polémicas de la familia *Cracidae* son: su monogamia; la ausencia de híbridos en la naturaleza; modificaciones traqueales pronunciadas y variadas en algunos géneros y en otros no; su omnivoría; el tamaño y la coloración del plumaje susceptible a cambios ambientales en algunos géneros; la presencia de subespecies en algunos casos; errores e imprecisiones sobre su taxonomía y distribución geográfica; los patrones de distribución enormes o muy puntuales y algo muy singular: la alopatría congénica.

OBJETIVOS :

- Probar la efectividad de un fragmento del Citocromo b como marcador molecular para resolver las relaciones intergenéricas de la familia *Cracidae*.
- Ampliar el muestreo de taxones para afinar las hipótesis taxonómicas previamente planteadas.
- Utilizar diferentes tipos de datos: moleculares, osteológicos, integumentarios y conductuales para obtener una filogenia más robusta.

ANTECEDENTES

En 2002, Pereira *et al.* publicaron una filogenia molecular de la familia *Cracidae* muy robusta utilizando marcadores mitocondriales y nucleares. Su muestreo taxonómico incluyó una sola especie como representante de cada uno de los once géneros hasta entonces reconocidos en la familia; obtuvieron 10,678 sitios analizables. Sus análisis, basados en los algoritmos de máxima parsimonia y máxima verosimilitud, sugieren diferentes hipótesis filogenéticas que no corresponden con las propuestas más recientes sobre las relaciones intergenéricas de esta familia (del Hoyo *et al.* 1994). Como resultado de su análisis, proponen que la subfamilia *Cracinae* está constituida por el género *Ortalis* como grupo hermano de *Oreophasis*, siendo a su vez este último, hermano de los géneros *Mitu*, *Pauxi*, *Nothocrax* y *Crax*. Tanto las chachalacas como el pavón tienen índices de soporte menores al 50% y el grupo completo también tiene un “bootstrap” muy bajo. Consideran que la subfamilia *Penelopinae* incluye a *Aburria*, *Pipile* y *Penelope* con índices de soporte mayores al 50% y a *Chamaepetes* y *Penelopina* con bajos soportes. Sin embargo este grupo, a diferencia del otro, tiene un “bootstrap” alto.

En 2004, Pereira y Baker hicieron otro análisis con seis diferentes marcadores mitocondriales de las 14 especies que conforman al grupo de *Mitu*, *Pauxi*, *Nothocrax* y *Crax*. Descubren que *Mitu* y *Pauxi* no son recíprocamente monofiléticos; que *Nothocrax* es su grupo hermano y *Crax* es el grupo más externo. En 2005, Grau *et al.* con fragmentos de tres marcadores mitocondriales y 151 caracteres osteológicos analizan a cuatro especies de *Pipile* y al género monotípico *Aburria* y proponen una fusión de ambos géneros porque éstos tampoco son recíprocamente monofiléticos.

Los resultados obtenidos al ampliar el muestreo taxonómico dentro de esta familia demuestran claramente un incremento en la precisión del análisis filogenético. Con un sólo representante de cada género, no hubiera sido posible llegar a estas conclusiones. Además Grau *et al.* (2005) corroboran sus resultados utilizando otro tipo de caracteres, los datos osteológicos. La obtención de miles de caracteres moleculares es costosa y requiere de mucho tiempo, recientemente el esfuerzo se dirige también a la búsqueda de diferentes tipos de datos y a tratar de abarcar un número mayor de especies (Crowe *et al.* 2006).

METODOLOGÍA

El mexicano Jesús Estudillo López ha realizado un exhaustivo trabajo de campo durante más de 40 años por México, Centro y Sudamérica. A lo largo de este periodo ha observado y estudiado a los crácidos en su ambiente natural y ha obtenido información basada en la experiencia y el conocimiento de los indígenas. Además, capturó los pies de cría de la mayor parte de los representantes de todos los géneros y ha logrado reproducirlos en cautiverio con éxito. Considera que los aspectos conductuales son la base para el estudio de esta familia que es profundamente territorial. El hecho muy poco frecuente de encontrar representantes de una familia de aves en cautiverio casi completa, como es el caso de los crácidos en la granja “La Siberia”, permite el acceso a un vasto campo de investigación. Todas las muestras de crácidos secuenciadas en este trabajo pertenecen a este aviario localizado en Ixtapaluca, Edo. de México.

MUESTREO TAXONÓMICO

DATOS MOLECULARES

Se obtuvieron muestras de sangre de 28 diferentes especies de crácidos y como grupo externo un megápodo (*Alectura lathamii*), siguiendo la propuesta de Sibley y Ahlquist (1990). Para incrementar el muestreo taxonómico, se obtuvieron del Banco de Genes 18 secuencias de citocromo b mitocondrial de otras especies de crácidos; cuatro representantes de otras familias del Orden Galliformes (*Numididae*, *Phasianidae*, *Tetraonidae* y *Megapodiidae*) y dos más de *Anhimidae* (Anseriformes) para ampliar el grupo externo. Tabla 3.

Tabla 3. Especies muestreadas con el número de acceso del Banco de Genes.

El asterisco indica las especies obtenidas del Banco de Genes.

Chachalacas

Ortalis motmot (AY659778), *Ortalis leucogastra* (AY659779), *Ortalis garrula* (AY659780), *Ortalis ruficauda* (AY659781), *Ortalis guttata* (AY659782), *Ortalis pantanalensis* (AY659783), *Ortalis poliocephala* (AY659784), **Ortalis vetula* (L08384) y **Ortalis canicollis* (AF165472).

Hocofaisanes y paujiles

Mitu salvini (AY659785), *Mitu tomentosa* (AY659787), **Mitu mitu* (AY141926), **Mitu tuberosa* (AY141926 y AY354484), *Pauxi unicornis* (AY659786), *Pauxi gilliardi* (AY659788), **Pauxi pauxi* (AY354486 y AY354486), *Crax alector* (AY659789), *Crax fasciolata* (AY659790), *Crax blumenbachii* (AY659791), *Crax daubentoni* (AY65978592), *Crax rubra* (AY659793), *Crax alberti* (AY659794), **Crax globulosa* (AY141924) y **Nothocrax urumutum* (AY354488 y AY354488).

Pavas, cojolitas y pavón

Chamaepetes goudotti (AY659795), *Chamaepetes unicolor* (AY659796), *Pipile grayi* (AY659797), *Pipile cumanensis* (AY659798), *Pipile kujubi* (AY659799), *Penelope purpurascens* (AY659800), **Pipile jacutinga* (AF165476), *Penelope jacquacu* (AY659801), **Aburria aburri* (AY354489 y AY354489), *Penelope montagnii* (AY659802), *Penelope argyrotis* (AY659803), *Penelope superciliaris* (AY659804) (AY659795 – AY4659804), **Penelope obscura* (AF165474), **Penelopina nigra* (AY354492 y AY354492) y *Oreophasis derbianus* (AY659805 y AY354494).

Grupos externos

**Numida meleagris* (L08383), **Rheinardia ocellata* (AF330060), **Tetrao urogallus* (AB120132), **Megapodius reiwardt* (AF165465), *Alectura lathamii* (AY659806), **Anhima cornuta* (AY140735) y **Chauna torquata* (AY140736).

DATOS MORFOLÓGICOS Y CONDUCTUALES

Para incrementar el número de caracteres morfológicos y tener una base de datos morfológicos más sólida se usaron los datos obtenidos por Luís Fábio Silveira en 2003 para su tesis Doctoral titulada “Filogenia de Crácidos con base en caracteres osteológicos”.

Con el objeto de describir ampliamente sus características integumentarias y conductuales se realizó un trabajo de campo exhaustivo durante aproximadamente tres años en la granja “La Siberia”. La información se obtuvo directamente de las aves en cautiverio, también se utilizó la literatura existente y las fotografías publicadas sobre la familia *Cracidae* (Vaurie 1968, Sick 1984, Delacour y Amadon 1973, del Hoyo y Motis 1994, del Hoyo *et al.* 2004) todo esto bajo la supervisión de Jesús Estudillo-López.

El análisis de evidencia total incluye a 39 diferentes especies de esta familia (Tabla 1) de un total de alrededor de 54 actualmente reconocidas. En el árbol final no se incluyeron 14 especies: *Pipile pipile*, *Penelope albipennis*, *P. perspicax*, *P. ortonii*, *P. marail*, *P. ochrogaster*, *P. pileata*, *P. dabbenei*, *P. jacucaca*, *P. barbata* (10 pavas y cojolitas); *Ortalis wagleri*, *O. cinereiceps*, *O. erythroptera* y *O. superciliaris* (4 chachalacas).

OBTENCIÓN DE CARACTERES MOLECULARES

Se obtuvo sangre de la vena axial del ala de las 29 especies mencionadas anteriormente y se añadió a un buffer lítico en una proporción: 1:10. El buffer contiene 100 mM Tris-HCl, pH 8; 100 mM EDTA (ácido etileno-diamino-tetracético), pH 8; 10 mM NaCl y 2% SDS (sodio duodecil sulfato). Las muestras se almacenaron a -70°C. El DNA genómico total fue aislado y purificado con el Genomic DNA Purification Kit (*Puregene™ Gentra*).

PROTOCOLO PARA LA EXTRACCIÓN DE DNA DE SANGRE

Genomic DNA Purification Kit (*Puregene™ Gentra*)

Lisis celular:

- 1) Añadir 300 µl de sangre total a un tubo eppendorf de 1.5 ml que contiene 900 µl de solución lítica RBC. Incubar un minuto a temperatura ambiente mientras se invierte el tubo 10 veces.
- 2) Centrifugar durante 20 seg a 15,000 rpm; remover la mayor cantidad posible del sobrenadante con una pipeta dejando el “pellet” blanco y aproximadamente 20 µl del líquido residual.
- 3) Vortexear a alta velocidad durante 10 seg. para resuspender las células blancas.
- 4) Añadir 300 µl de la solución de lisis celular a las células resuspendidas y pipetear hacia arriba y hacia abajo para lisarlas.

Precipitación de proteínas:

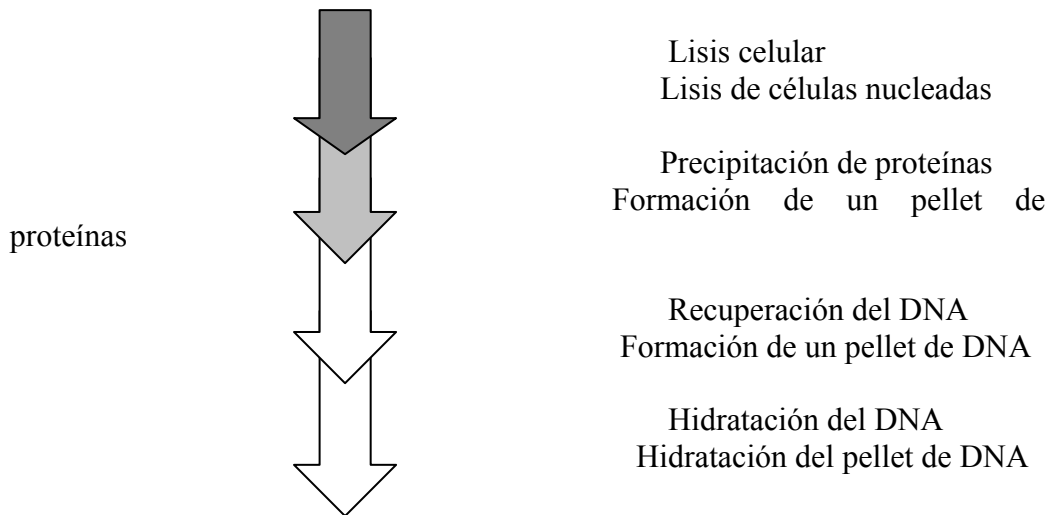
- 1) Agregar 100 µl de la solución para la precipitación de proteínas al lisado de células.
- 2) Vortexear a alta velocidad para mezclar uniformemente.
- 3) Centrifugar durante un minuto a 15,000 rpm; se obtiene un precipitado de color café oscuro y apretado. (De no ser así, se repite el paso 2, se incuban en hielo durante 5 min y se procede al paso 3).

Precipitación de DNA:

- 1) Echar el sobrenadante que contiene al DNA a un nuevo tubo eppendorff que contiene 300 µl de 100% Isopropanol (2-propanol) y desechar el precipitado.
- 2) Mezclar la muestra invirtiéndola suavemente durante 50 veces.
- 3) Centrifugar 1 min a 15,000 rpm; el DNA se verá como un pequeño “pellet” blanco.
- 4) Desechar el sobrenadante y dejar escurrir el tubo brevemente en papel absorbente. Añadirle 300 µl de etanol al 70% e invertir el tubo varias veces para lavar el “pellet” de DNA.
- 5) Centrifugar 1 min a 15,000 rpm; desechar con cuidado el etanol.
- 6) Invertir y dejar escurrir el tubo durante 5 seg.

Hidratación del DNA:

- 1) Añadir 100 μ l de la solución de hidratación del DNA (10 mM Tris, 1 mM EDTA pH 7.0-8.0).
- 2) Vortexear 5 seg a velocidad media para mezclar.
- 3) Incubar la muestra a 65°C durante 5 min para acelerar la rehidratación.
- 4) Vortexear 5 seg a velocidad media y posteriormente centrifugar un pulso para que la muestra se concentre en el fondo del tubo.
- 5) Almacenar el DNA a 4°C.



CITOCROMO B

AISLAMIENTO, AMPLIFICACIÓN Y SECUENCIACIÓN

A partir de DNA total se obtuvo un fragmento de citocromo b mitocondrial mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) con el PCR Core Kit (*Boehringer*). Se utilizaron los oligonucleótidos iniciadores (primers) de amplia utilidad taxonómica L14990 y H15696, diseñados por Kornegay *et al.* (1989).

PROTOCOLO DE PCR PARA CRÁCIDOS

PCR Core Kit (*Boehringer*).

Para 5 μ l de reacción, se utilizan:

- 5 μ l de buffer 10x (100 mM Tris/HCl, 500 mM KCl, pH 8.3)
- 1 μ l de dNTPs (10 mM dATP, dCTP, dGTP, dTTP en agua estéril redestilada, pH 7.0)
- 1 μ l del primer 1 (L14990 Kocher *et al.*, 1989) a una concentración de 200 ng/ μ l.
- 1 μ l del primer 2 (H15696 Kocher *et al.*, 1989) a una concentración de 200 ng/ μ l.
- 2 mM de MgCl₂ (25mM MgCl₂)
- 0.5 μ l de Taq DNA polimerasa

- 5 µl del DNA amplificado
- 32.5 µl de dH₂O.

El termociclador se programó para un volumen de reacción de 50 µl y se utilizaron los siguientes parámetros propuestos por Kocher (1989): 5 min a 94°C; 50 ciclos: 1 min de desnaturalización a 94° C, 45 seg. de hibridación a 50°C, 2 min de extensión a 72°C; y una extensión final de 10 min a 72°C. Los productos de PCR se purificaron y se extrajeron del gel de agarosa con Concert Gel Extraction Systems (*Gibco Life Technologies*TM).

Para ver esta película, debe
disponer de QuickTime™ y de
un descompresor TIFF (Uncompressed).

PROTOCOLO DEL CONCERT KIT

Concert Gel Extraction Systems (*Gibco Life Technologies*TM).

- a) Cortar el fragmento de DNA amplificado y corrido en un gel de agarosa al 1%.
- b) Colocarlo en un eppendorf de 1.5 ml. Agregar 30 µl del buffer solubilizador de geles (L1) por cada 10 mg del gel.
- c) Solubilización del gel y enlace del DNA. Agregar 1 µl de resina de sílice por cada 10 mg de gel (≈ 35ml) y vortexear a alta velocidad. Incubar la mezcla a

50°C durante 15 min, mezclando cada 3 min para asegurar que el gel se disuelva; ya disuelto incubarlo 5 min más.

- d) Aislamiento del DNA-resina de sílice. Centrifugar durante 30 seg a 12,000 rpm y desechar el sobrenadante con una pipeta.
- e) Lavado con sales de alta concentración. Añadir 30 µl del buffer solubilizador de geles (L1) por cada 10 mg de gel; suspender la resina vortexeando o agitando el tubo. Centrifugar 30 seg a 12,000 rpm y desechar el sobrenadante con una pipeta.
- f) Lavado con sales de baja concentración. Agregar 30 µl del buffer de lavado (L2) que contiene etanol por cada 10 mg de gel. Centrifugar durante 30 seg a 12,000 rpm y desechar el sobrenadante con una pipeta. Este paso se repite dos veces.
- g) Secado de la resina. Esperar que la resina de sílice se seque a temperatura ambiente para remover el etanol residual.
- h) Limpieza del DNA. Añadir 20 µl del H₂O estéril a temperatura ambiente y suspender la resina vortexeando o agitando el tubo. Incubar 5 min a 50°C, mezclando una sola vez y centrifugar 30 seg a 12,000 rpm. Pipetear con cuidado el sobrenadante a un tubo limpio. Si la resina es visible en la muestra se repite la centrifugación y se transfiere el sobrenadante a otro tubo nuevo.
- i) Guardar las muestras a -20°C.

Finalmente, para realizar la reacción de secuenciación se añadieron de 30 a 40 ng de cada uno de los productos purificados al BigDye Terminator Cycle Sequencing Reaction Kit (Terminator Ready Rxn Mix with ampliTaq® FS DNA polimerasa) utilizando los primers mencionados anteriormente. Las reacciones se secuenciaron y analizaron directamente con Applied Biosystems Automatic DNA Sequencer ABI Prism 3100 (ABI^{PRISM}®), que corre una muestra a la vez. Se obtuvieron 29 secuencias de 661 pares de bases con los siguientes números de acceso de GenBank: AY659778-AY659806.

PROTOCOLO DEL BIGDYE

Terminador

Colorante Aceptor

Color de los datos crudos

Adenina	dRGG	Electroferograma verde
Citosina	dROX	rojo
Guanina	dR110	azul
Timina	dTAMRA	amarillo

Como actualmente se sabe que los genes mitocondriales pueden tener homólogos nucleares en taxones de aves (Sorenson y Quinn, 1998), se verificó que las amplificaciones de DNA obtenidas fueran de origen mitocondrial. Se compararon los fragmentos de citocromo b obtenidos con las de otros crácidos en GenBank. Para una verificación posterior y como se trata de un gen codificador de proteínas, se hizo una traducción a aminoácidos con el programa MacClade 4.0 (Maddison y Maddison, 2000). Se obtuvieron 219 aminoácidos que corresponden con exactitud de la posición 44 hasta la 263 en una secuencia completa, obtenida de GenBank, del citocromo b de DNA mitocondrial de dos crácidos, *Crax rubra* (número de acceso AY274029) y *Ortalis vetula* (número de acceso L08384).

Con el programa Wisconsin Package Version 9.1 (Genetics Computer Group, 1997) se obtuvieron alineamientos con secuencias múltiples (msf) que fueron exportados como formatos tipo nexus. Las secuencias se verificaron y se editaron manualmente con el programa MacClade 4.0 (Maddison y Maddison, 2000). El alineamiento final fue de 661 pares de bases de fragmentos de secuencias de cytb para 46 especies. Ver Apéndice 1.

CARACTERES NO-MOLECULARES

CARACTERES OSTEOLÓGICOS

Silveira (2003) analizó 73 cráneos y 283 esqueletos pertenecientes a 43 especies de crácidos y 78 especímenes de 26 especies como representantes de otros Galliformes y Anseriformes como grupos externos. Obtuvo un total de 152 caracteres, trece se codificaron como datos multiestado y el resto como binarios. La descripción de los caracteres y sus estados se encuentra en una matriz de datos en el Apéndice 2.

CARACTERES INTEGUMENTARIOS Y CONDUCTUALES

Para la descripción de caracteres de la morfología externa referentes a estructura, coloración de plumaje, patas, picos, papadas, etc., se decidió utilizar el término integumentarios. Se obtuvieron 76 caracteres integumentarios + conductuales para 54 crácidos y siete especies representando al grupo externo constituido por 5 Galliformes: [Numididae: *Numida meleagris* (Linnaeus, 1758), Phasianidae: *Rheinardia ocellata* (Elliot, 1871), Tetraonidae: *Tetrao urogallus* Linnaeus, 1758 y Megapodiidae: *Alectura lathamii* Gray, 1831 y *Megapodius reinwardt* Dumont, 1823]; y 2 Anseriformes [Anhimidae: *Anhima cornuta* (Linnaeus, 1766) y *Chauna torquata* (Oken, 1816)]. La matriz incluye características externas gruesas, aspectos conductuales como son el cortejo y las vocalizaciones descriptivas; también se especifican tipos de modificaciones traqueales. Sesenta y cinco caracteres se codificaron como binarios y nueve como multiestado. La polaridad de la serie de transformación de caracteres se asumió utilizando un grupo externo. La descripción de los caracteres y sus estados se encuentra en una matriz de datos en el Apéndice 3.

ANÁLISIS FILOGENÉTICO

MÁXIMA PARSIMONIA

Se analizó de manera independiente la información molecular, la osteológica y la integumentaria-conductual con el programa PAUP* (Análisis filogenético utilizando parsimonia de Swofford, 2001) versión 4.0b10 para Macintosh (PPC). Se utilizó el algoritmo de máxima parsimonia (MP) donde no se les asignó peso a los caracteres (equally-weighted parsimony) y éstos no se ordenaron. Las relaciones filogenéticas entre los taxones muestreados se infirieron utilizando a los Anhimidae (*Anhima cornuta* y *Chauna torquata*) como grupo externo para enraizar los árboles obtenidos.

Todos los análisis de máxima parsimonia se llevaron a cabo con el algoritmo para búsquedas heurísticas dado el número elevado de taxones. Se utilizó la opción de adición paso a paso (“stepwise addition”) con 1,000 réplicas adicionales de secuencias aleatorias que salvan 100 árboles por réplica. Con el objeto de guardar múltiples árboles se usó el algoritmo de intercambio TBR (“tree bisection and reconnection”). Para evaluar el soporte de las ramas se obtuvieron valores de “bootstrap” con 1,000 réplicas utilizando una secuencia de adición simple con el algoritmo TBR salvando 100 árboles por réplica.

DATOS COMBINADOS

Para los análisis de evidencia total, se combinaron todos los datos en una sola matriz que incluye 887 caracteres: 661 datos moleculares, 152 datos osteológicos y 76 datos integumentarios-conductuales para 46 terminales (39 especies de crácidos +7 grupos externos). Esta matriz combinada se analizó con PAUP utilizando los mismos parámetros especificados con anterioridad.

ANÁLISIS BAYESIANOS

Para la matriz combinada también se utilizó un enfoque de inferencia Bayesiana implementado en el programa Mr.Bayes v3.0b4 (Huelsenbeck y Ronquist, 2001). Las búsquedas se hicieron subdividiendo los datos en cinco grupos ("partitions"): tres para cada posición de los codones, el cuarto para los caracteres osteológicos y el quinto para los datos integumentarios y conductuales. Se le indicó al programa que permitiera tasas de evolución desigual para cada subdivisión.

Se corrieron 3,000,000 de generaciones con una cadena fría y tres calientes a una temperatura de 0.5; los árboles se muestrearon cada 100 generaciones empezando con árboles aleatorios y un "burn-in" de 1,000 árboles. Los resultados de "log-likelihood" se grafican contra el tiempo de generación y las cadenas de Markov se asumen estacionarias cuyo converge el valor probabilístico (aproximadamente en la generación 50,000). Los puntos de muestreo previos a las cadenas estacionarias se descartan como valores de burn-in y los valores restantes se utilizan para generar un árbol de consenso de mayoría del 50%.

Con el objeto de obtener el modelo evolutivo de sustitución de DNA más adecuado para los datos moleculares, se utilizó MODELTEST (v3.06; Posada y Crandal, 1998) con el criterio de información de Akaike (AIC). Este programa contiene los parámetros para calcular las verosimilitudes de un árbol a partir de ciertos datos utilizando 56 modelos evolutivos. El modelo general de tiempo reversible, con sitios invariantes y con una corrección gamma (GTR + I + Γ) resultó ser el más adecuado.

Para los datos osteológicos, integumentarios y conductuales se utilizó una generalización Mk del modelo de Jukes-Cantor (1969: JC69) que asume una distribución gamma para las tasas relativas porque se ha demostrado que es el apropiado para caracteres discretos. Donde "M" representa a Markov y "k" se refiere

al número de estados observados ($k \geq 2$) donde ningún estado se considera plesiomórfico o apomórfico *a priori* (Yang 1994, Lewis 2001). El muestreo de MCMC ("Markov Chain Monte Carlo") se corrió en tres ocasiones para verificar la recuperación en cada caso de la misma topología.

RESULTADOS

ANÁLISIS CLADISTAS

ÁRBOL MOLECULAR

Con 661 nucleótidos se obtuvieron diez árboles más parsimoniosos de 1047 pasos cada uno, un índice de consistencia (CI) de 0.404 y un índice de retención (RI) de 0.641; 238 sitios fueron informativos. El árbol molecular de consenso está basado en 46 terminales, 39 diferentes especies de crácidos + 7 grupos externos (Fig. 1). En el análisis molecular se incluyeron las tres posiciones de los codones del fragmento del citocromo b mitocondrial porque se ha demostrado que el tercer codón de este marcador contiene información filogenética y se obtienen mejores estimaciones (Yoder y Yang, 2000). Su exclusión produce árboles con poca resolución en el caso de los crácidos (Pereira *et al.* 2002).

Huxley (1867) subdividió a los *Cracidae* en dos subfamilias: *Penelopinae* que incluía a los géneros *Oreophasis*, *Penelopina*, *Aburria*, *Pipile*, *Penelope*, *Ortalis* y *Chamaepetes*; y *Cracinae* constituida por *Crax*, *Mitu*, *Pauxi* y *Nothocrax*. En el árbol de consenso obtenido con el citocromo b se observan dos clados bien definidos pertenecientes a estas dos subfamilias. Los valores de soporte “bootstrap” no son muy altos, principalmente para las ramas que contienen a estos dos grupos. Dentro de *Cracinae*, *Ortalis* aparece como el grupo hermano de *Nothocrax*, *Crax* y *Mitu* + *Pauxi*, con *Oreophasis* como el grupo hermano más externo. Dentro de *Penelopinae*, el género *Penelopina* es el grupo hermano de *Pipile* (que incluye a *Aburria*) y *Penelope*. Con estos datos *Chamaepetes* aparece como el grupo hermano de todo los crácidos. Con la disponibilidad de datos moleculares para todas las especies de los géneros *Pauxi* y *Mitu*, así como de todos los *Pipile* y del género monotípico *Aburria*, se establece la inclusión de *Mitu* dentro del género *Pauxi* y se corrobora la de *Pipile* dentro del género *Aburria* (Grau *et al.*, 2005) por su prioridad cronológica en el Código Internacional de Nomenclatura Zoológica.

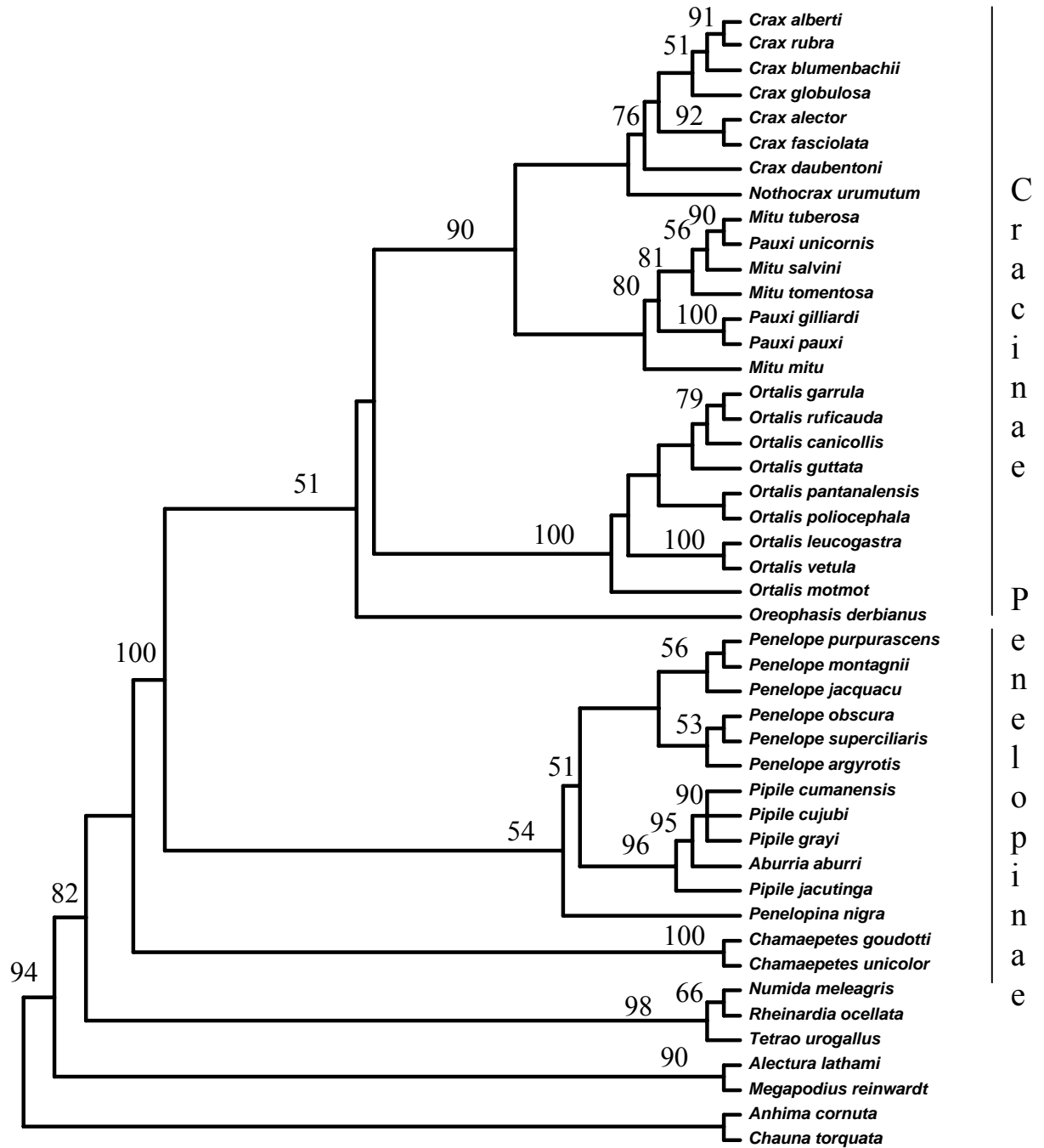


Fig. 1. Consenso estricto de 10 árboles más parsimoniosos obtenido con 661 pares de bases del citocromo b mitocondrial de 39 especies de la familia *Cracidae*. Los números junto a las ramas representan valores de “bootstrap”.

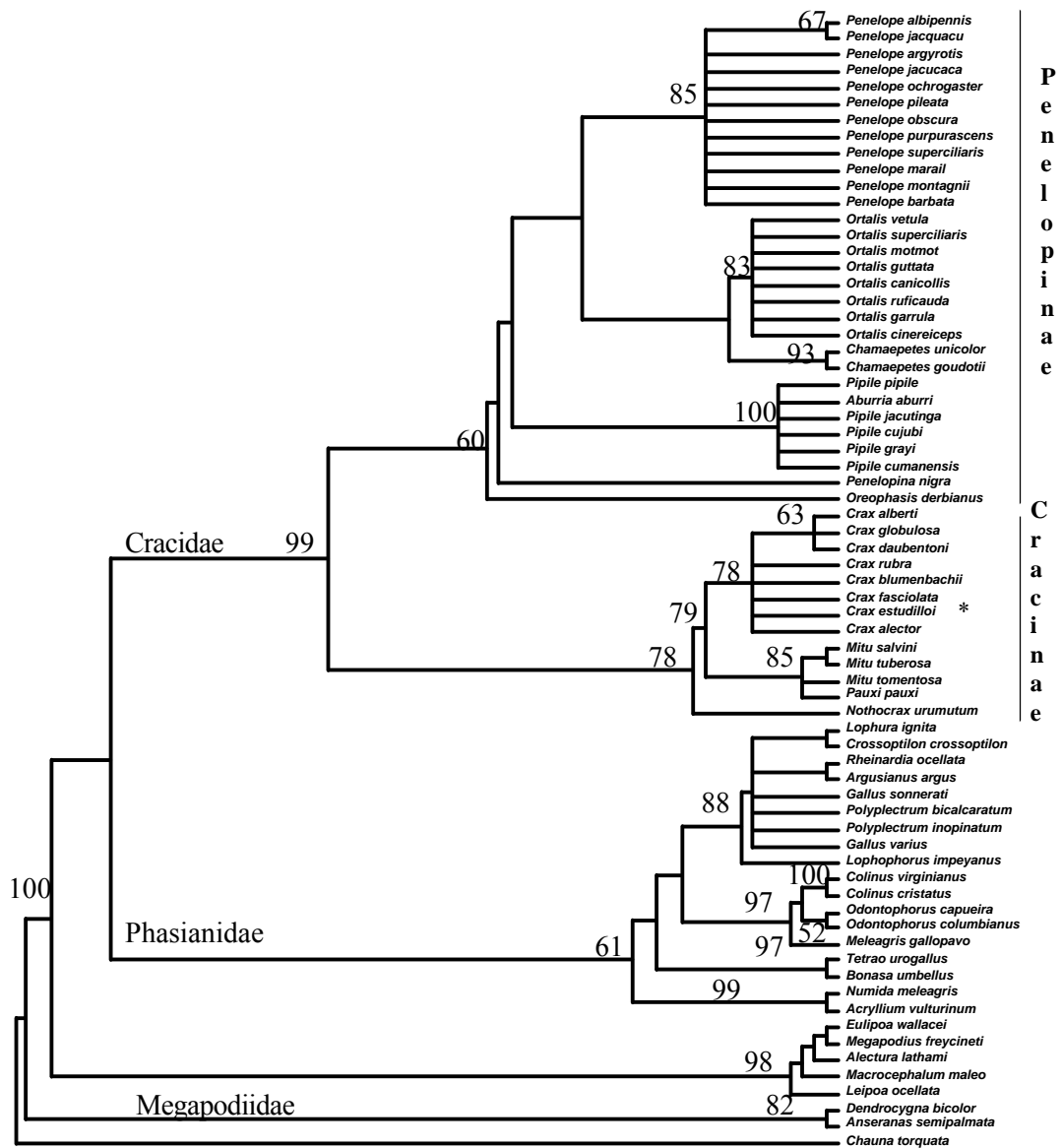
ÁRBOLES MORFOLÓGICOS

OSTEOLÓGICO

Con su base de datos osteológicos, Silveira (2003) obtiene ocho árboles más parsimoniosos con 373 pasos, un CI = 0.477 y un RI= 0.888; los 152 caracteres fueron informativos (Figura 2). El árbol de consenso estricto para estos datos, apoya la propuesta de Huxley (1867); la subfamilia *Penelopinae*, con *Ortalis* y *Chamaepetes* como grupos hermanos monofiléticos, que a su vez son el grupo hermano de *Penelope*; *Aburria* + *Pipile*, *Penelopina* y *Oreophasis*, forman taxones hermanos sucesivos. La subfamilia *Cracinae* está constituida por *Crax* como grupo hermano de *Pauxi* + *Mitu* y *Nothocrax* como el grupo hermano más externo de *Crax*, *Pauxi* y *Mitu*. Al igual que el análisis molecular, la hipótesis osteológica también apoya la fusión de *Mitu* con *Pauxi* y de *Pipile* con *Aburria*. Los valores de soporte de “bootstrap” son aceptables particularmente para *Cracinae*, los valores son menos robustos para las relaciones intergenéricas de *Penelopinae*.

Con los caracteres osteológicos Silveira (2003) encontró ocho sinapomorfias que apoyan el clado propuesto como subfamilia *Cracinae* (e.g. carácter # 101, una apófisis de la fúrcula bien desarrollada, Fig. 3 y Apéndice 2). También descubrió cuatro sinapomorfias (e.g. carácter # 3, un proceso lacrimal pequeño, y caracteres # 2, 52 y 59; Apéndice 2) que respaldan al género *Crax* como grupo hermano de *Pauxi* + *Mitu* y ocho sinapomorfias más (e.g. una pequeña cresta en la *fossa musculorum temporalium*, en la porción caudo-lateral del cráneo, carácter # 33 y los caracteres # 12, 44, 46, 48, 53, 55, y 124; Apéndice 2) que apoyan la sinonimia de *Pauxi* y *Mitu*.

Cuatro sinapomorfias (e.g. una fosa grande en el proceso maxilopalatino, carácter # 50, Fig 4 y los caracteres # 59, 7 y 124; Appendix 2) respaldan el clado al que pertenecen *Ortalis*, *Chamaepetes*, *Penelopina*, *Aburria* + *Pipile* y *Penelope*. Además, otras seis sinapomorfias (caracteres # 11, 15, 25, 26, 57 y 122; Apéndice 2) apoyan la sinonimia de *Aburria* + *Pipile* (ver Grau *et al.* 2005).



La validez de la especie *Crax estudilloi** ha sido cuestionada recientemente (Joseph *et al.* 1999). Silveira encontró el holotipo en el museo de Ciencias Naturales en la Universidad del Estado de Louisiana, EUA; se requiere de más estudios.

Fig. 2. Consenso estricto de ocho árboles más parsimoniosos basado en 152 caracteres osteológicos, Los números sobre las ramas son valores de “bootstrap” (Silveira, 2003).

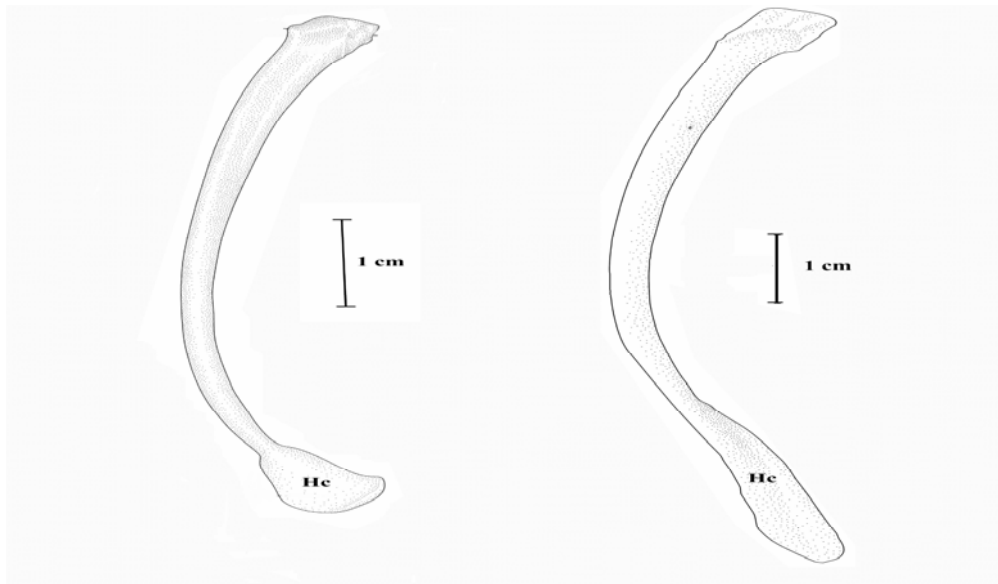


Fig. 3. Vista lateral de la clavícula izquierda de *Penelope obscura* (MHNT 594, izquierda) y *Crax fasciolata* (MHNT 727, derecha, carácter # 101). **He**: *Hypocleideum*

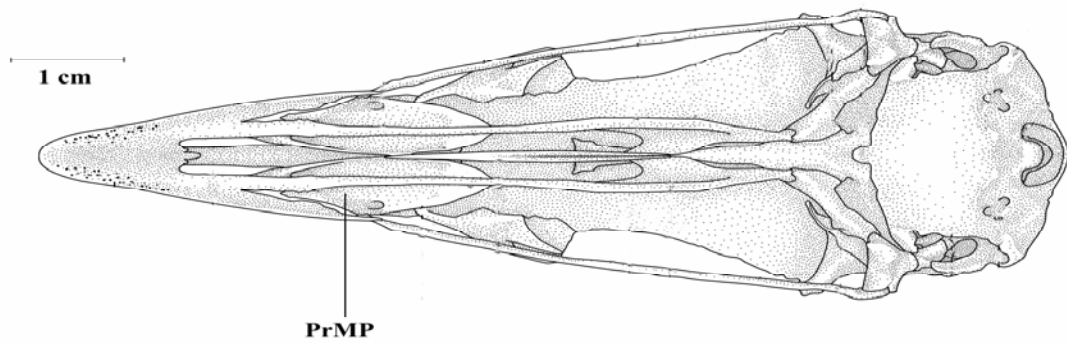


Fig. 4. Vista ventral de *Penelope obscura* (MHNT 600) mostrando una fosa grande en el proceso maxilopalatino (carácter # 50). **PrMP**: *Processus maxillopalatinus*.

INTEGUMENTARIOS Y CONDUCTUALES

Con 76 datos integumentarios y conductuales para 54 especies de crácidos se obtuvo un árbol consenso de 296 pasos, un CI = 0.291 y un RI = 0.809, todos los caracteres fueron informativos. El número de árboles más parsimoniosos es muy alto porque se utilizó un elevado número de especies y solamente fue posible codificar 76 caracteres, sin embargo, hay que destacar que el árbol consenso está constituido por las dos subfamilias conocidas y éstas a su vez están compuestas por los mismos géneros presentes en el análisis combinado.

El árbol de consenso estricto basado en 61 terminales se encuentra en la Fig. 5. En este árbol también es evidente la presencia de dos subfamilias: *Penelopinae* y *Cracinae*. Sin embargo, no están constituidas por los mismos géneros. Dentro de *Cracinae*, *Oreophasis* es el grupo más externo, seguido por *Nothocrax* que aparece como el grupo hermano de *Crax*, *Pauxi* y *Mitu*. *Penelopinae* está compuesto por dos clados, uno formado por *Penelopina* como el grupo hermano más externo de *Chamaepetes*, que a su vez es hermano de *Aburria* y *Pipile*; todos ellos forman el clado hermano de *Penelope*. *Ortalis* es el grupo hermano de todos los géneros pertenecientes a esta subfamilia.

Los valores de “bootstrap” del clado que constituye a *Penelopinae* son bastante bajos para varias ramas, particularmente el nodo que une a *Penelope* con *Pipile*, *Aburria*, *Chamaepetes* y *Penelopina*; así como el nodo que une a todas estas pavas con las chachalacas (*Ortalis*).

Basándose en caracteres integumentarios y conductuales, varios autores (Sclater y Salvin 1870; Ogilvie-Grant 1893; Vaurie 1968; Delacour y Amadon 1973; Blake 1977) han llegado a diferentes conclusiones acerca de cuáles géneros pertenecen a cada subfamilia. Con los análisis independientes con caracteres moleculares, osteológicos e integumentarios-conductuales no fue posible resolver claramente a qué subfamilia pertenecen *Ortalis* y *Oreophasis*. Tampoco es claro cuál es la posición de *Chamaepetes* y *Penelopina*, así como la relación de *Nothocrax* con los demás *Cracinae*.

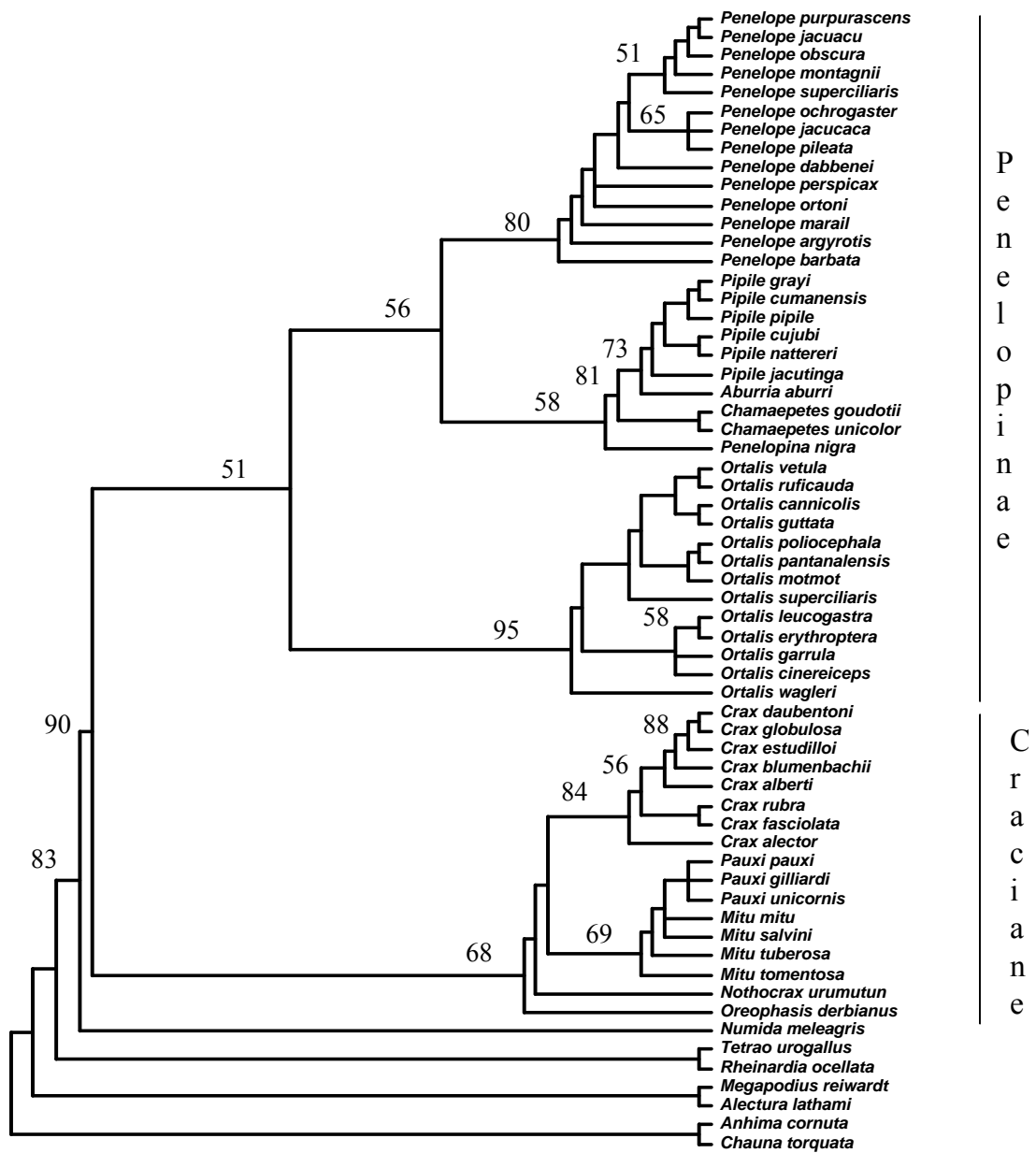


Fig. 5. Consenso estricto de doce árboles más parsimoniosos basado en 76 caracteres integumentarios y conductuales. Los números junto a las ramas representan valores de “bootstrap”.

Para resumir, los conflictos fundamentales entre los diferentes tipos de datos al ser analizados de manera independiente son los siguientes: a qué subfamilia pertenecen *Ortalis* y *Oreophasis*; es *Nothocrax* el grupo hermano de todos los otros *Cracinae*; con quién está más relacionado *Chamaepetes*; *Pipile* puede haberse derivado de *Aburria* y *Mitu* de *Pauxi*. En un intento por resolver estos conflictos se utilizó un análisis de evidencia total.

EVIDENCIA TOTAL

Con la prueba de homogeneidad de subdivisiones (partition-homogeneity test) implementada en PAUP* (Swofford 2001) se encontró un valor P mayor al 0.05 y esto implica que no existe una incongruencia estadísticamente significativa entre los diferentes grupos de datos; por lo tanto, se pueden combinar las tres series de datos.

Se hizo un análisis de MP con evidencia total combinando todos los datos en una sola matriz. Se obtuvieron dos árboles más parsimoniosos con una longitud de 1359 pasos, un CI = 0.372 y a RI = 0.669 (Fig. 6). Se obtuvieron 312 sitios informativos de un total de 735 caracteres. El árbol de consenso estricto está mejor resuelto.

Aunque los nodos que apoyan a cada subfamilia tienen valores de soporte relativamente bajos, los nodos intergenéricos tienen índices más altos. En *Cracinae* se incluye a *Oreophasis*, *Nothocrax*, *Crax*, *Mitu* y *Pauxi*, con índices de “bootstrap” relativamente altos. Y *Penelopinae*, representada ahora por *Chamaepetes*, *Penelopina*, *Penelope*, *Aburria*, *Pipile* y *Ortalis* también con soportes altos excepto la posición de *Penelopina*.

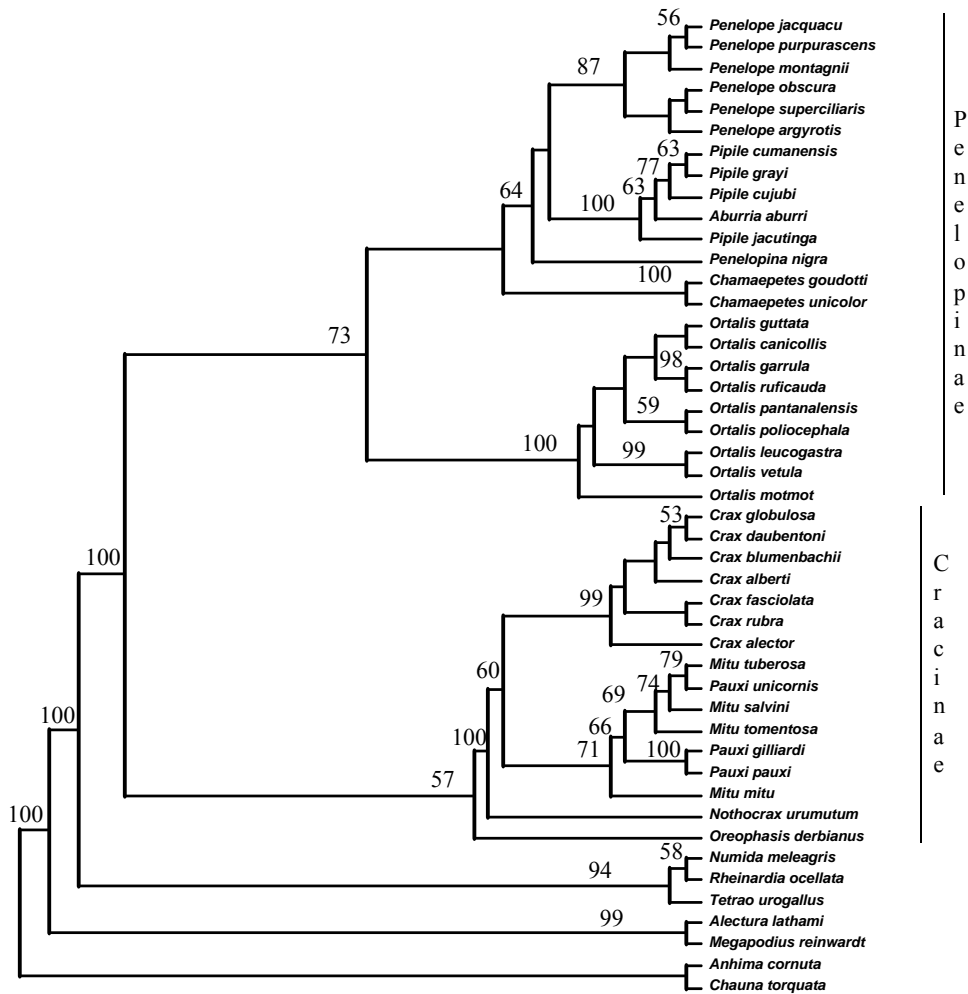


Fig. 6. Árbol combinado. Consenso estricto de dos árboles de MP al combinar 661 caracteres moleculares y 76 caracteres integumentarios-conductuales. Los números junto a las ramas representan valores de “bootstrap”.

INFERENCIA BAYESIANA

Para evaluar la incertidumbre de la filogenia obtenida con MP, se utilizó un análisis bayesiano (BA) con la matriz de datos combinados. Se construyó un árbol de evidencia total siguiendo los parámetros antes mencionados. Cuyo los valores de “log-likelihood” alcanzan un equilibrio estable, se genera un árbol de consenso de mayoría del 50% que recupera mediante probabilidades posteriores (p.p.) índices de mucha confianza (≥ 0.95) para casi todas las ramas.

Dentro de *Penelopinae*, *Chamaepetes* es el grupo hermano de *Penelopina*, *Penelope* y *Aburria* + *Pipile* con una p.p. de 0.98; *Penelopina* es el grupo

hermano de *Penelope*, *Pipile* + *Aburria* con una p.p. de 1.00; y con una p.p. de 1.00, *Pipile* aparece dentro del clado de *Aburria*. En *Cracinae*, *Nothocrax* es el grupo hermano de *Crax*, *Pauxi* + *Mitu* con una p.p. de 1.00; *Crax* es el grupo hermano de *Pauxi* + *Mitu* con una p.p. de 0.99; y con una p.p. de 1.00, *Mitu* se encuentra dentro del clado de *Pauxi*. Una vez más, los dos grupos que conforman a cada subfamilia tienen valores de probabilidad posterior bastante bajos: *Penelopinae* con 0.78 y *Cracinae* con 0.82 (Fig. 7).

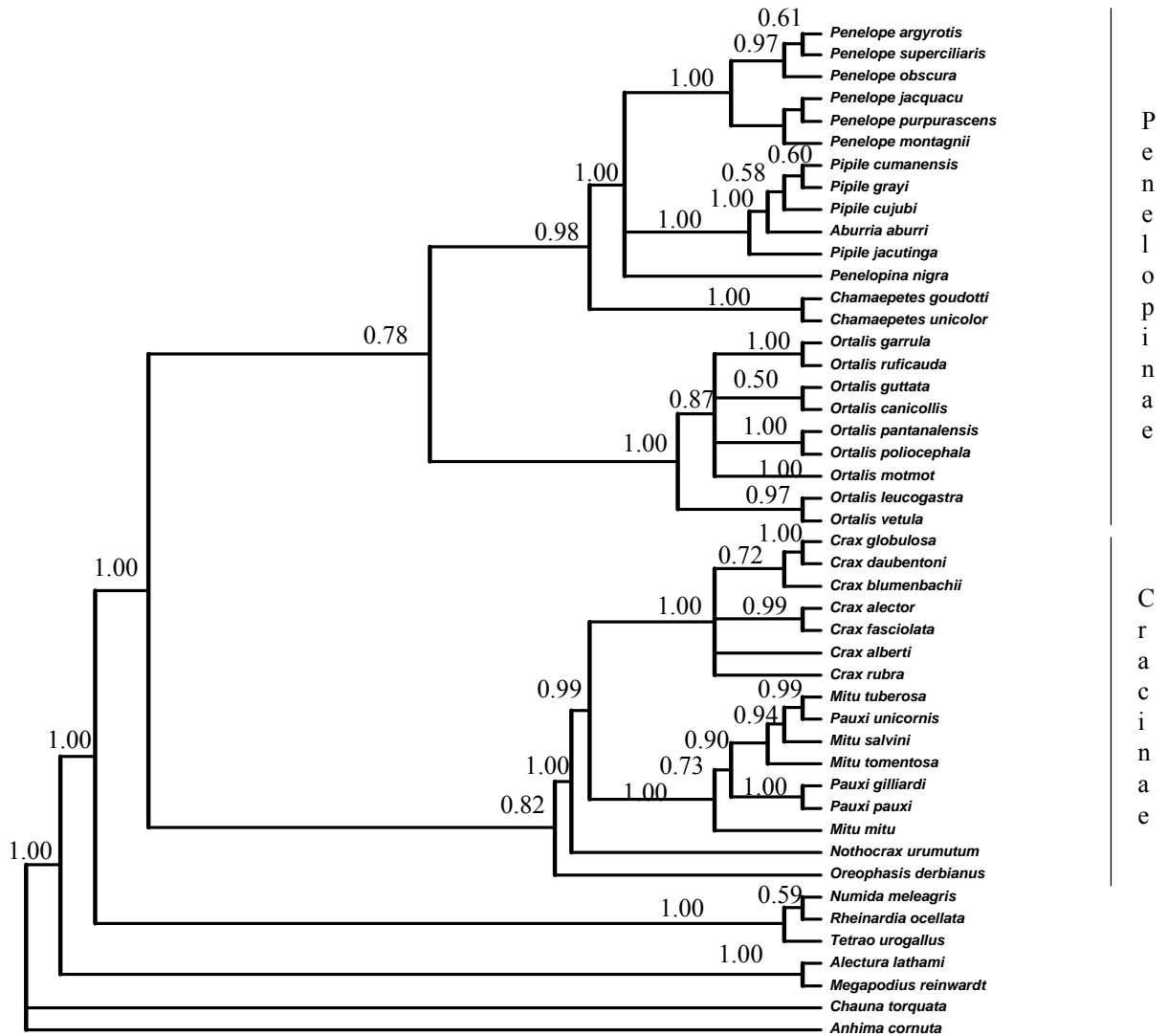


Fig. 7. Árbol Bayesiano final. Se combinaron 735 caracteres moleculares, integumentarios y conductuales de 39 diferentes especies de la familia *Cracidae* y siete grupos externos.. Los números en el interior de las ramas indican probabilidades posteriores.

Como se ha visto a lo largo de este trabajo, los géneros *Ortalis* y *Oreophasis* son conflictivos. Al analizarlos con datos moleculares resulta que pertenecen a la subfamilia *Cracinae*; mientras que con los datos osteológicos, se encuentran dentro de la subfamilia *Penelopinae*. Es interesante hacer notar que con los datos integumentarios+conductuales estos dos géneros se ubican en los mismos clados que con los análisis combinados. En el análisis de evidencia total con MP y BA, *Ortalis* aparece dentro de *Penelopinae* y *Oreophasis* dentro de *Cracinae*. aunque el resultado final para las ramas de cada subfamilia no es muy robusto. Con el objeto de comprobar esta hipótesis, se llevaron a cabo BA excluyendo a estos taxones y la probabilidad posterior para cada subfamilia es de 1.00: *Cracinae* con *Crax*, *Pauxi* + *Mitu* y *Nothocrax*; *Penelopinae* with *Penelope*, *Aburria* + *Pipile*, *Chamaepetes* y *Penelopina* (Fig. 8).

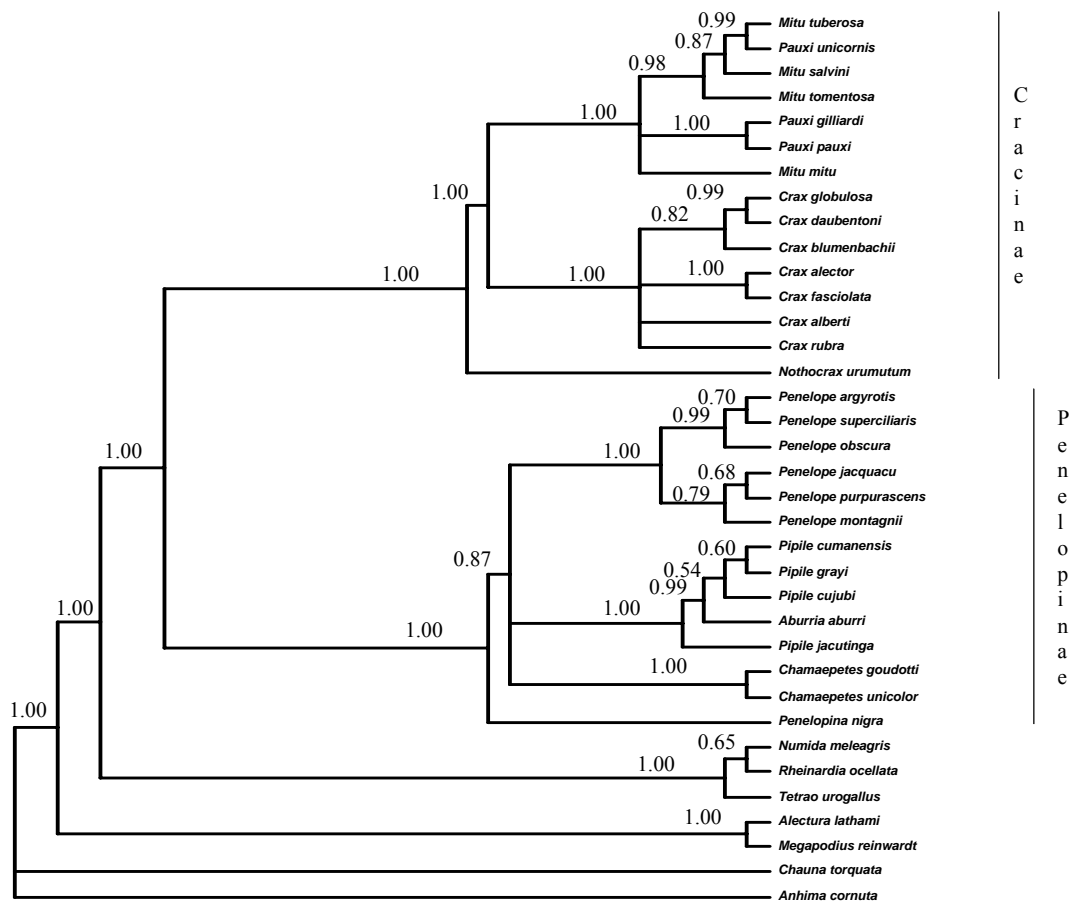


Fig. 8. Árbol Bayesiano excluyendo a todas las especies del género *Ortalis* y al género monotípico *Oreophasis*. Los números interior de las ramas indican probabilidades posteriores.

Con un enfoque de evidencia total utilizando la inferencia Bayesiana, se proponen las siguientes modificaciones a la hipótesis filogenética previa:

- 1) Se confirma la fusión de *Pauxi* con *Mitu* (Pereira y Baker, 2004) y de *Pipile* con *Aburria* (Grau *et al.* 2005).
- 2) Se corrobora la posición de *Nothocrax* como grupo hermano de *Crax*, *Pauxi* + *Mitu*.
- 3) *Oreophasis* es el linaje hermano de todos los otros miembros de *Cracinae*.
- 4) *Chamaepetes* es el grupo hermano de *Penelopina*, *Penelope* y *Aburria* + *Pipile*.
- 5) *Ortalis* es el grupo hermano de estos cuatro géneros.
- 6) Finalmente se puede formular la siguiente hipótesis: *Ortalis* probablemente es una tribu de la subfamilia *Penelopinae* y *Oreophasis* también puede considerarse como una tribu de la subfamilia *Cracinae*.

DISCUSIÓN

Recientemente se ha incrementado el interés por la estimación de filogenias extensas y esta tendencia se ha reforzado con los avances y contribuciones en el desarrollo de diversos elementos. Desde el punto de vista computacional, se ha vuelto factible analizar grandes series de datos para muchos taxones y muchos caracteres (Soltis *et al.* 1998). Existe un interés intrínseco en la obtención de filogenias de grupos extensos de organismos, sobre todo en lo que concierne a la eventual obtención de una estimación filogenética para el Árbol de la Vida (Hillis y Holder, 2000). Muchos investigadores han argumentado que un muestreo taxonómico adecuado perfecciona las estimaciones filogenéticas y en algunos casos posibilita la resolución de problemas complejos (Wheeler 1992; Lecointre *et al.* 1993; Hillis 1996, 1998; Poe 1998; Rannala *et al.* 1998). Otros autores han argumentado que tanto el número de caracteres, como el número de taxones, son determinantes para la precisión filogenética (Swofford *et al.* 1996).

El efecto del muestreo taxonómico ha sido ampliamente discutido bajo el contexto de la parsimonia; una modificación en la hipótesis, debida a un incremento en los representantes muestreados, no está restringida a un método particular para la reconstrucción de árboles (Nylander, 2001). La adición de taxones incrementa de forma dramática la precisión del análisis filogenético, porque reduce o elimina errores existentes en el estudio de pocos taxones e incrementa la probabilidad de recuperar la topología verdadera. Si el interés

primordial está en la inferencia de la historia evolutiva del grupo en cuestión, es preferible utilizar un amplio muestreo taxonómico para obtener una hipótesis filogenética más precisa.

Un extensivo muestreo taxonómico con diferentes tipos de caracteres casi siempre da como resultado una estimación más “acertada” de la filogenia (Zwickl y Hillis 2002; Flynn *et al.* 2005). La validez de las conclusiones obtenidas de una filogenia depende de cuáles y cuántos taxones se incluyeron en el análisis; así, las relaciones entre “subconjuntos” del grupo interno pueden alterarse si otro taxón es añadido (Givnish y Systma 2000). Para reconstruir relaciones filogenéticas con una alta resolución y con un soporte robusto, deben incluirse en el análisis la mayor cantidad de caracteres posibles (Grandcolas *et al.* 2001).

El propio Hennig (1966) afirmó que series de datos independientes pueden resolver problemas, si se restringen los análisis morfológicos se estaría “mutilando” su poder; esto se conoce como iluminación recíproca. El análisis filogenético de diferentes tipos de datos proporciona perspectivas independientes valiosas y únicas tanto en cuestiones filogenéticas como en asuntos de evolución de caracteres. Se ha demostrado que los análisis de muchos datos moleculares son superiores a los que utilizan pocos caracteres, pero todavía hace falta demostrar si los datos moleculares, por sí solos, son capaces de resolver ciertos problemas filogenéticos si el muestreo taxonómico es limitado (Cummings *et al.* 1995).

En este trabajo se utilizó un amplio muestreo taxonómico con un fragmento de 661 pares de bases del citocromo b mitocondrial y se obtuvo una filogenia muy similar a la publicada por Pereira *et al.* en 2002. Estos autores utilizaron más de 10,000 pares de bases de genes mitocondriales y nucleares de una sola especie, representando así a cada uno de los once géneros reconocidos hasta entonces en la familia *Cracidae*. Aunque el análisis mencionado contenía 16 veces más datos moleculares que el presente estudio, no fue posible resolver con claridad las relaciones intergenéricas de los crácidos. Varios valores de “bootstrap” y dos clados cambian en función del método de inferencia utilizado.

Vale la pena resaltar nuevamente que de 10, 678 sitios analizables sólo 1,869 fueron informativos para la parsimonia, mientras que en el análisis combinado se obtuvieron 437 sitios informativos de un total de 891 datos; casi la mitad de los sitios analizables. En este caso, el enfoque de la evidencia total resulta más eficiente.

La filogenia molecular de Pereira *et al.* (2002) confirma el estatus taxonómico de los once géneros hasta ese momento considerados como válidos dentro de la familia *Cracidae*. Posteriormente, Pereira y Baker (2004) analizaron varios genes mitocondriales de todas las especies que constituyen a la subfamilia *Cracinae* y descubrieron que *Pauxi* y *Mitu* no son recíprocamente monofiléticos. En 2005, Grau *et al.* examinaron también a todos los integrantes de *Pipile* y del género monotípico *Aburria* y propusieron una fusión de ambos en un sólo género. Este último trabajo respalda sus conclusiones con los datos osteológicos de Silveira (2003).

La radiación, aparentemente rápida, de muchos órdenes de aves cerca de la frontera K-T (del Cretácico al Terciario) ha complicado la resolución de sus relaciones al utilizar solamente datos moleculares. Las radiaciones rápidas se caracterizan, por una cantidad considerable de evolución morfológica que puede conducir a estimaciones en donde las longitudes de las ramas son muy cortas si se utilizan solamente datos moleculares. Sin embargo, la longitud de las ramas que se obtienen con datos morfológicos tienden a ser más largas (Lee *et al.* 1997; Lewis 2001).

Los datos morfológicos y conductuales se separaron en dos matrices diferentes: caracteres osteológicos (Silveira, 2003) y caracteres integumentarios + conductuales. Aunque los datos osteológicos y los integumentarios son considerados como caracteres morfológicos, esto es, en realidad, un enfoque reduccionista. Así como los genes mitocondriales y los genes nucleares evolucionan a una tasa diferente, los caracteres morfológicos también presentan diferentes tasas de evolución.

Existe un acuerdo entre distintos especialistas en el que se acepta que los caracteres integumentarios y conductuales han evolucionado más rápidamente que los osteológicos (Chu, 1998), debido a que están más directamente relacionados con la selección sexual y la especiación (vocalizaciones, plumaje, etc.). Esto se reflejó en la ausencia casi total, de diferencias osteológicas entre especies del mismo género, como ocurrió con las *Penelope* y con *Aburria*, donde las diferencias más notorias están en el tamaño relativo de los huesos. Los datos osteológicos son buenos marcadores para niveles genéricos y supragenéricos en aves; mientras que lo contrario ocurre con las características integumentarias y la conducta. Estos caracteres son más útiles para relaciones intragenéricas, de hecho pueden considerarse complementarios.

Una serie de sinapomorfias osteológicas, integumentarias + conductuales pueden surgir para caracterizar un clado, mientras que el cambio molecular que podría haberse

acumulado en ese intervalo de tiempo entre eventos de ramificación, habría sido limitado. En este trabajo se realiza el primer análisis cladista de crácidos basado en caracteres osteológicos, integumentarios y conductuales. Además, se amplía de forma significativa la cobertura taxonómica, comparándola con estudios previos realizados únicamente con datos moleculares.

A pesar de ciertas desventajas metodológicas, las clasificaciones jerárquicas han sido construidas sobre cimientos morfológicos y parece ser que estas clasificaciones son congruentes con varios nodos filogenéticos verdaderos (Jenner 2004). Como se mencionó anteriormente, ha sido ampliamente demostrado que los datos conductuales también pueden producir árboles bien resueltos (DeQueiroz y Wimberger 1993; McLennan y Mattern 2001; Birdsley 2002), aunque es común encontrar valores de soporte de “bootstrap” bajos y un incremento en el número de árboles más parsimoniosos cuyo se tienen pocos caracteres, como es el caso de los datos morfológicos y conductuales. Como sugiere Magallón (2002), hay una necesidad evidente de establecer una medida diferente del “bootstrapping” para este tipo de caracteres. Los datos no moleculares contribuyen al análisis combinado como un soporte oculto de los clados que sólo se hace evidente al unir diferentes clases de caracteres. Así, la eficiencia descriptiva y el poder aclaratorio de los datos se incrementa potencialmente (Farias *et al.* 2000).

Con un incremento en el muestreo taxonómico se recopilaron y se analizaron datos moleculares, osteológicos e integumentarios + conductuales, por separado. Al corroborar que producían hipótesis filogenéticas similares con niveles de consistencia parecidos, se decidió utilizar un análisis combinado de todos los datos. Al analizarlos por separado, ninguna de las series de datos proporciona una clara resolución de sus relaciones. Los análisis combinados de MP y BA proporcionan una mejor resolución y valores de soporte más robustos para varios nodos. Al incluir todos los datos, fue posible obtener información complementaria para cada subfamilia, y un enfoque de evidencia total hizo posible la clara inferencia de sólo nueve géneros.

La discrepancia en torno a cuáles géneros pertenecen a cada una de las dos subfamilias actualmente reconocidas ha sido muy controversial. Se han obtenido resultados contradictorios acerca de la taxonomía de los *Cracidae* en función de las diferentes fuentes de datos. Pereira *et al.* (2002) estimaron los tiempos de divergencia de los diferentes géneros, tanto *Oreophasis* como *Ortalis* se encuentran entre los más antiguos (31.1 y 30.9 millones de años respectivamente). Tal vez el pavón mantuvo varios caracteres primitivos (tales como su coloración general, el cuerno desnudo en la

base del cráneo y el pico cubierto en sus dos terceras partes por plumas que ocultan las narinas) como resultado de su aislamiento. Los análisis por separado apoyan la propuesta de del Hoyo y Motis (2004) donde *Oreophasis* representa una especie de eslabón entre ambas subfamilias. Por otro lado, las chachalacas, aunque pertenecientes a *Penelopinae*, también presentan características peculiares que las distinguen de las típicas pavas: vocalizaciones, cortejo y ecología en general.

Cracinae

Utilizando caracteres integumentarios y conductuales se encontraron cinco sinapomorfias que apoyan el clado que incluye a *Oreophasis*, *Nothocrax*, *Crax* y *Pauxi* + *Mitu*: todos con picos robustos y decurvados, más grandes y pesados que las pavas (excluyendo dos especies de *Penelope*); también comparten un cortejo elaborado en el suelo, donde los machos alimentan a las hembras. *Crax* es el único género dentro de esta subfamilia con dimorfismo sexual notorio; solamente *Crax alector* Linnaeus, 1766 muestra un dimorfismo sexual menos evidente; esto podría representar un carácter primitivo de la especie. Sin embargo, no hay una diferencia notoria entre esta especie y los otros *Crax*, tanto en el cortejo como en el comportamiento general y sus vocalizaciones (tipo mugidos). Esta vocalización ha sido atribuida al alargamiento de la tráquea en machos de *Nothocrax* y *Pauxi* + *Mitu*; pero tanto *Crax* como *Oreophasis* presentan mugidos aunque carecen de modificación traqueal.

Pereira y Baker (2004) argumentan, entre otras cosas, que los patrones de coloración entre los *Cracinae* podrían representar evidencia de que *Nothocrax* se encuentra más cercanamente relacionado a *Mitu* y *Pauxi* que a *Crax*. Pero la coloración del plumaje varía entre los *Cracinae*, *Nothocrax* presenta un color rojizo en ambos sexos mientras que *Mitu* siempre es de un negro lustroso y *Pauxi* puede ser tanto negro como rojizo; los machos de *Crax* siempre son negros, mientras que diferentes hembras pueden llegar a ser tan rojizas como *Nothocrax*. Además, todos los *Cracinae* tienen la garganta cubierta de plumas salvo el pavón que tiene una pequeña área desnuda, característica también presente en las chachalacas, que sugiere un estado plesiomórfico.

Penelopinae

Cinco sinapomorfias integumentarias y conductuales apoyan el clado que incluye a *Ortalis*, *Penelope*, *Penelopina*, *Aburria* + *Pipile* y *Chamaepetes*; un pico delgado y recto sin ornamentos; cuerpos más pequeños y periodos de incubación menores. *Penelopina* es el único género que presenta dimorfismo sexual y la única hembra de mayor tamaño que el macho. Sólo *Penelope* presenta modificación traqueal en ambos

sexos con notables diferencias en su longitud, *Ortalis* presenta modificación traqueal solamente en los machos como algunos miembros de *Cracinae*. *Chamaepetes*, *Penelopina* y *Aburria* + *Pipile* muestran un elaborado cortejo en vuelo, ligeramente menos espectacular en *Penelope*.

Al igual que *Cracinae*, la coloración del plumaje varía en *Penelopinae*: negro lustroso en *Aburria* + *Pipile*, en *Chamaepetes unicolor* (Lesson, 1828) y en los machos de *Penelopina*; café rojizo en *Penelope* y colores más apagados en *Ortalis*. Las papadas son muy notorias en *Chamaepetes*, *Penelopina*, *Aburria* + *Pipile* y *Penelope*, sólo existe una área desnuda en *Ortalis* y *Chamaepetes*, quienes presentan una garganta cubierta de plumas.

Finalmente, dentro de la familia *Cracidae* las especies congénicas tienen un patrón de distribución alopátrica sorprendente, siempre se excluyen o reemplazan geográficamente las especies del mismo género. En algunos casos, hay un gradiente de tamaño en los géneros que tienen una amplia distribución como es el caso de *Crax*, *Penelope* y *Ortalis*, siempre de mayor tamaño en el norte. Sin embargo, diferentes géneros pueden co-existir en el mismo territorio (Estudillo 1981; Sick 1984; del Hoyo *et al.* 1994). Esta afirmación es muy significativa para una verificación adicional sobre la fusión de *Aburria* + *Pipile* y *Pauxi* + *Mitu*, ya que no hay coincidencia en la distribución geográfica de todas las especies de *Pipile* y *Aburria*, ni de *Pauxi* con *Mitu*. Más estudios sobre la dispersión de estas aves relativamente sedentarias podrían proporcionar un mayor conocimiento de su historia evolutiva (Zink *et al.* 2000). Como sugirieran Pereira y Baker (2004), la vicarianza - proseguida por transgresiones marinas, una expansión del territorio durante la formación de América Central y el surgimiento de Istmo de Panamá y de los Andes y otros cambios subsecuentes en las cuencas fluviales de América del Sur – parece ser el tipo de aislamiento primordial que favoreció la especiación alopátrica en esta familia

CONSERVACIÓN DE LA FAMILIA CRACIDAE

Desde los años 70, los crácidos han adquirido relevancia para la comunidad internacional de conservación ya que es uno de los grupos naturales más amenazados del Neotrópico. Esta familia, entre otras, representa una parte esencial de la biomasa animal de los bosques tropicales; desempeña un papel significativo en la dispersión y germinación de semillas y sus especies se consideran indicadoras de perturbación humana y calidad de hábitat. Es el grupo de aves latinoamericanas más amenazado y

menos conocido (Estudillo, 1981, 1988). Estudillo (*com. pers.* 1998) y Renjifo (*com. pers.* 1999) estiman que alrededor de 40% de las especies de esta familia se encuentran en peligro de extinción debido a la fragmentación de su hábitat y al impacto de los cambios ambientales

En este trabajo se incrementó la información concerniente a aspectos conductuales de los crácidos. Esto es importante, porque actualmente muchos autores sostienen que el conocimiento de la conducta de los individuos es una herramienta valiosa que permite entender cómo las poblaciones sobreviven en hábitats fragmentados, su respuesta al deterioro y la explotación, su susceptibilidad a enfermedades, su tamaño efectivo, la cría en cautiverio y los esfuerzos de reintroducción, manejo y monitoreo de poblaciones (Caro, 1999).

La información sobre filogenia puede contribuir de manera significativa para la conservación, si se definen las entidades con más rigor y se aporta un mejor entendimiento sobre los procesos poblacionales históricos (Moritz, 1997). Se requiere de una filogenia robusta para una mejor comprensión de esta familia de aves latinoamericanas amenazadas que indique el camino a seguir en programas de conservación y reintroducción. La taxonomía y la conservación son actividades interdependientes y necesarias para enfrentar la crisis de la biodiversidad (Mace, 2004).

CONCLUSIONES

Sinonimia de taxones

Siguiendo el principio de prioridad del Código Internacional de Nomenclatura Zoológica, el género *Mitu* Lesson, 1831 debe considerarse como sinónimo de *Pauxi* Temminck, 1813; y también se confirma que el género *Pipile* Bonaparte, 1856 es sinónimo de *Aburria* Reichenbach, 1853, como propusieron Grau, *et al.* (2005). Los taxones actualmente considerados en el género *Mitu* deben transferirse a *Pauxi* y todas las especies de *Pipile* deben de reasignarse al género *Aburria*. De esta manera, siguiendo la taxonomía adoptada por del Hoyo *et al.* (1994) dentro del género *Pauxi* (femenino) existen seis especies: *P. pauxi* (Linnaeus, 1766); *P. tomentosa* (Spix, 1825); *P. tuberosa* (Spix, 1825); *P. salvini* (Reinhardt, 1879); *P. unicornis* Bond y Meyer de Schauensee, 1939 y *P. mitu* (Linnaeus, 1766). En el género *Aburria* (femenino) se consideran cinco especies: *A. aburri* (Lesson, 1828); *A. kujubi* (Pelzeln, 1858); *A. cumanensis* (Jacquin, 1784); *A. pipile* (Jacquin, 1784); y *A. jacutinga* (Spix, 1825) de acuerdo con Grau *et al.* (2005).

Estamos convencidos que los datos moleculares son muy importantes, particularmente cuyo no existe otro tipo de información; pero un enfoque de criterios múltiples puede ser significativamente más eficiente en términos de tiempo y costos además de proporcionar un análisis más balanceado.

BIBLIOGRAFÍA

- Avice JC (1994) Molecular Markers, Natural History y Evolution. Chapman & Hall. 36–380
- Birdsley JS (2002) Phylogeny of the tyrant flycatchers (Tyrannidae) based on morphology and behavior. *The Auk* **119**: 715-734
- Blake ER (1977) Manual of Neotropical birds. Univ. of Chicago Press, Chicago, Illinois, pp. 12-80
- Bleiweiss R (1998) Tempo and mode of hummingbird evolution. *Biol. J. Linn. Soc.* **65**: 63-76
- Braun EL y Kimball RT (2002) Examining basal avian divergences with mitochondrial sequences: model complexity, taxon sampling, and sequence length. *Syst Biol* **5**: 614-625
- Brodkorb P (1954) Catalogue of fossil birds, part 2 (Anseriformes through Galliformes). *Bull. Florida State Mus. Biol. Sci.* **8**, 195 – 335
- Brown WN (1983) Evolution of animal mitochondrial DNA. *In* Evolution of genes and proteins. Ed. Sinauer Ass. Sunderland Mass. USA
- Caro T (1999) The behaviour – conservation interface. *TREE* **14**: 366-369
- Chu PC (1998) A phylogeny of the gulls (Aves: Larinae) inferred from osteological and integumentary characters. *Cladistics* **14**: 1-43
- Cicero C y Johnson NK (2001) Higher level phylogeny of New World Vireos (Aves: Vireonidae) based on sequences of multiple mitochondrial DNA genes. *Molecular Phylogenetics y Evolution* **20**: 27-40
- Cooper A y Penny D (1997) Mass Survival of Birds across the Cretaceous-Tertiary Boundary: Molecular Evidence. *Science* **275**: 1109–1113
- Cracraft J y Clarke J (2001) The basal clades of modern birds. *In*: Gauthier J y Gall IF (ed), New perspectives on the origin and early evolution of birds. Proceedings of the International Symposium in Honor of John H. Ostrom. Peabody Museum of Natural history, Yale University, New Haven, Conn. pp: 143-156
- Crowe TM, Bowie RCK, Bloomer P, Mandiwana T, Hedderson T, Randi E, Pereira SL y Wakeling J (2006) Phylogenetics and biogeography of, and character evolution in gamebirds (Aves: Galliformes): effects of character exclusion, partitioning and missing data. *Cladistics* **22**:1-38

- Cummings MP, Otto SP y Wakeley J (1995). Sampling properties of DNA sequence data in phylogenetic analysis. *Mol Biol Evol* **12**:814–822
- del Hoyo J, Elliot A y Sargatal J (ed) (1994). Handbook of the birds of the world. Volume 3: World Vultures to Guineafowl. Lynx Edicions, Barcelona, pp: 310-363
- del Hoyo J y Motis A (2004) Update Chapter. Curassows and Related Birds, 2nd Edition. (J. Delacour& D. Amadon, Eds.) Lynx Edicions and The National Museum of Natural History. Barcelona y New York, pp: 322–476
- Delacour J y Amadon D (1973) Curassows and related birds. The American Museum of Natural History. New York. N.Y.
- DeQueiroz A y Wimberger PH (1993) The usefulness of behavior for phylogeny estimation-levels of homoplasy in behavioral and morphological characters. *Evolution* **47**:46-60
- Donoghue MJ y Sanderson MJ (1992) The suitability of molecular and morphological evidence in reconstructing plant phylogeny. *Molecular Systematics of Plants*. In: Soltis PS, Soltis DE y Doyle JJ (ed) Chapman and Hall, New York, NY, pp: 240-368.
- Edwards SV y Wilson AC (1990) Phylogenetically informative length polymorphism sequence variability in mitochondrial DNA of Australian songbirds (*Pomastotomus*). *Genetics* **126**:695-712
- Estudillo J (1998) Comunicación personal.
- Estudillo J (1988) Consideraciones sobre los Crácidos Mexicanos. Simposio Internacional sobre la Biología y Ecología de la Familia *Cracidae*. Memorias. Caracas. Venezuela
- Estudillo J (1981) Introducción a la Familia *Cracidae*. Memorias del Primer Simposium Internacional de la Familia *Cracidae*. UNAM, México.
- Farias IP, Orti G, Sampaio I, Schneider H y Meyer A (2001) The cytochrome b gene as a phylogenetic marker: the limits of resolution for analyzing relationships among cichlid fishes. *J. Mol. Evol.* **53**: 89-103
- Flynn JJ, Finarelli JA, Zehr SM, Hsu J y Nedbal MA (2005) Molecular phylogeny of the Carnivora (Mammalia): Assessing the impact of increased sampling on resolving enigmatic relationships. *Syst. Biol.* **54**: 317-337
- Frank C y García-Koch AM (1981) Polimorfismo Genético de Proteínas Sanguíneas en aves de la Familia *Cracidae*. Tesis. Facultad de Ciencias, UNAM. México.

- Givnish TJ y Systma KJ (2000). Molecular Evolution and Adaptive Radiation. Cambridge University Press, pp: 22, 89
- Grandcolas P, Deleporte P, Desutter-Grycolas L y Daugeron C (2001) Phylogenetics and Ecology: As many characters as possible should be included in the cladistic analysis. *Cladistics* **17**: 104-110
- Grau ET, Pereira SL, Silveira LF, Höfling E y WajntalA (2005) Molecular phylogenetics and biogeography of Neotropical piping guans (Aves: Galliformes): *Pipile* Bonaparte, 1856 is synonym of *Aburria* Reichenbach, 1853. *Mol Phylogenetic Evol* **35**: 637-645
- Graybeal A (1994) Evaluating the phylogenetic utility of genes: a search for genes informative about deep divergences among vertebrates. *Systematic Biology* **43**: 174 – 193
- Harrison RG (1989) Animal Mitochondrial DNA as a genetic marker in Population and Evolutionary Biology. *TREE (Trends in Evolutionary Ecology)* Vol. 4: 6–11.
- Heidrich P, König C y Wink, M. (1995). Molecular Phylogeny of South American screech owls, inferred from nucleotide sequences of the mitochondrial cytochrome b gene. *Ottus Phylogeny*: 294–302
- Helm-Bychowsky K y Cracraft J (1993) Recovering phylogenetic signal from DNA sequences: relationships within the corvine assemblage (Class Aves) as inferred from complete sequences of the cytochrome b gene. *Mol Biol Evol* **10**: 1196-1214
- Hennig W (1966) *Phylogenetic Systematics*. University of Illinois Press. Urbana.
- Hillis DM y Holder MT (2000) Reconstructing the trees of life. *Trends in Ecology y Evolution, Special Issue*: 47–50
- Hillis DM (1998) Taxonomic Sampling, Phylogenetic Accuracy, and Investigator Bias. *Syst Biol* **47**: 3–8
- Hillis DM, Moritz C Y Mable BK (1996). *Molecular Systematics*, 2nd Ed. Sinauer Associates, Sunderland
- Huelsenbeck JP y Ronquist F (2001) Bayesian inference of phylogeny. Distributed by the author, Department of Biology, University of Rochester
- Huxley TH (1867) On the classification of birds; and on the taxonomic value of the modifications of certain of the cranial bones observable in that class. *Proceedings of the Zoological Society of London*: 415-472

- Jenner RA (2004) Accepting Partnership by Submission? Morphological Phylogenetics in a Molecular Millennium. *Syst Biol* **53**: 333-342
- Joseph L, Slikas B, Rankin-Baransky K, Bazartseren B, Alpers D y Gilbert EA (1999). DNA evidence concerning the identities of *Crax viridirostris* Sclater, 1875 y *Crax estudilloi* Allen, 1977. *Ornitologia tropical* **10**: 129-144
- Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Paabo S, Villablanca FX y Wilson AC (1989) Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Science USA* **86**: 6196–6200
- Kornegay JR, Kocher TD, Williams LA y Wilson AC (1993) Pathways of Lysozyme Evolution inferred from sequences of cytochrome b in Birds. *J Mol Evol* **37**: 367–379
- Lecointre G, Philippe H, Van Le HL, Le Guyader H (1993) Species sampling has a major impact on phylogenetic inference. *Mol Phylogenet Evol* **2**: 205–224
- Lee K, Feinstein J y Cracraft J (1997) The phylogeny of ratite birds: resolving conflicts between molecular and morphological data sets. *In* D. Mindell ed. *Avian molecular evolution and systematics*. Academic Press, San Diego pp. 173–211
- Lewis P (2001) A likelihood approach to estimating phylogeny from discrete morphological character data. *Syst Biol* **50**: 913-925
- Li WH y Graur D (1991) *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Ass. Sunderland. Mass. USA
- Linnaeus C (1758) *Systema naturae per regna tria naturae*, 13 ed. Stockholm, L. Salvii, Holmiae, 173p.
- Livezey C (1997) A phylogenetic analysis of basal Anseriformes, the fossil *Presbyornis*, and the interordinal relationships of waterfowl. *Zoological Journal of the Linnean Society (London)* **121**: 361-428
- Mace GM (2004) The role of taxonomy in species conservation. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* **359**: 711-719.
- Magallón S (2002) The 3rd deep time meeting summary. August 8th; Madison, Wisconsin.
- Mayr G (2005) The Paleogene fossil record of birds in Europe. *Biol Rev* **80**: 515-542
- McLennan DA y Mattern MY (2001). The phylogeny of Gasterosteidae: combining behavioral and morphological data sets. *Cladistics* **17**: 11-27

- Maddison WP y Maddison DR (2000) MacClade: Analysis of phylogeny and character evolution, version 4.03. Sinauer, Sunderland, Massachusetts
- Moore WS y DeFilippis VR (1997) The window of taxonomic resolution for phylogenies based on mitochondrial cytochrome b. In: Avian Molecular Evolution and Systematics (Mindell DP, ed) Academic Press, USA, pp: 83-113
- Nylander JAA (2001) Taxon sampling in phylogenetic analysis: Problems y Strategies Review. Department of Syst Biol, Uppsala University, pp: 1-25
- Ogilvie-Grant WR (1893) Catalogue of the game birds (*Pterocletes*, *Gallinae*, *Opisthocomi*, *Hemipodii*) in the collection of the British Museum. London. British Museum (Natural History) **22**: 473-522
- Pereira SL, Baker AJ y Wajntal A (2002) Combined nuclear and mitochondrial DNA sequences resolve generic relationships within the *Cracidae* (Galliformes, Aves). *Syst Biol* **51**: 946-958
- Pereira SL y Baker AJ (2004) Vicariant speciation of curassows (Aves, *Cracidae*): a hypothesis based on mitochondrial DNA phylogeny. *The Auk* **121**: 682-694
- Pereira SL y Baker AJ (2005) A molecular timescale for galliform birds accounting for uncertainty in time estimates and heterogeneity of rates of DNA substitutions across lineages and sites. *Mol Phylogenet Evol* **38**: 499-509
- Peterson KJ y Eernisse DJ (2001) Animal phylogeny and the ancestry of bilaterians: inferences from morphology and 18S rDNA gene sequences. *Evolution and Development* **3**: 170-205
- Pleijel F (1995) On character coding for phylogeny reconstruction. *Cladistics* **11**: 309-315
- Poe S y Wiens JJ (2000) Character selection and the methodology of morphological phylogenetics. In: *Phylogenetic Analyses of Morphological Data*. (Wiens JJ, ed). Smithsonian Institution Press, Washington, DC, pp: 20-36
- Poe S (1998) Sensitivity of phylogeny estimation to taxonomic sampling. *Syst. Biol.* **47**:18-31
- Posada D y Crandal A (1998) MODELTEST: Testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* **14**:817-818
- Rannala BJP, Huelsenbeck Z, Yang R y Nielsen (1998) Taxon sampling and the accuracy of large phylogenies. *Syst. Biol.* **47**: 702-710
- Renjifo, J. (1999) Comunicación Personal

- Sclater P y Salvin O (1870) Synopsis of *Cracidae*. Proc. Zool. Soc. London. London pp.504-544
- Sibley G y Ahlquist JE (1990) Gallinaceous Birds. In: Phylogeny and Classification of Birds: a study in molecular evolution. Yale University, USA, pp: 290–300
- Sick H (1984) Ornitologia brasileira. Vol 1. Ordem Galliformes.. Editora Universidade de Brasília, pp: 225-237
- Silveira LF (2003) Filogenia dos *Cracidae* (Aves: Galliformes) com base em caracteres osteológicos.Ph.D. Dissertation. Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo. Departamento de Zoologia, Brazil
- Soltis DE, Soltis PS, Mort ME, Chase MW, Savolainen V, Hoot SB y Morton CM. (1998) Inferring complex phylogenies using parsimony: an empirical approach using three large DNA data sets for angiosperms. Syst. Biol. **47**: 32-42
- Strahl SD (1990) Curassows, Guans y Chachalacas: An action plan for their conservation. International Cracid Specialist Group. WPA/ICBP
- Sorenson MD y Quinn TW (1998) Numts: a challenge for avian systematics and population biology. The Auk **115**:214–221
- Sorenson MD, Oneal E, García-Moreno J y Mindell DP (2003) More taxa, more characters: the Hoatzin problem is still unresolved. Mol.Biol.Evol **20**:1484-1499.
- Swofford DL (2001) PAUP*: Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods), version 4.0. Sinauer, Sunderland, Massachusetts
- Swofford DL, Olsen GJ, Waddell PJ y Hillis DM (1996) Phylogenetic inference. In: Molecular Systematics, 2nd Ed. (Edited by Hillis D.M., Moritz C.& Mable B.K.), pp. 407-514. Sinauer Associates, Sunderland
- Tordoff HB y McDonald JR (1957) A new bird (family *Cracidae*) from the Early Oligocene of South Dakota. The Auk **74**:174-184
- Vaurie C (1968) Taxonomy of the *Cracidae* (Aves). Bulletin of the American Museum of Natural History **138**: 131–260
- Vuillemier, F (1965). Relationships and evolution within the *Cracidae* (aves, Galliformes). Bulletin of the Museum of Comparative Zoology **134**: 1-27
- Wayne RK, Bruford MW, Girman D, RebholzWER, Sunnucks P y Taylor AC (1994) Molecular genetics of endangered species. In Creative Conservation. Chapman & Hall. England. Cap. V pp. 92–110
- Wetmore A (1956) A fossil Guan from the Oligocene Of South Dakota. Condor **35**: 64-65

- Wheeler, W C (1992) "Extinction, sampling, and molecular phylogenetics." pp. 205-215
in M. Novacek y Q. D. Wheeler, eds. *Extinction y Cladistic Analysis*. Columbia
University Press, New York
- Wiens JJ (2004) The role of morphological data in phylogenetic reconstruction. *Syst
Biol.***53**: 653-661
- Wink M (1995) Phylogeny of old and new world vultures (Aves: Accipitridae and
Cathartidae) Inferred from nucleotide sequences of the Mitochondrial Cytochrome
b Gene. Verlag der Zeitschrift für Naturforschung. Heidelberg.
- Wisconsin Package Version 9.1 (1997) Genetics Computer Group (GCG), Madison,
Wisc.
- Yang Z (1994) Maximum likelihood phylogenetic estimation from DNA sequences
with variable rates over sites: Approximate methods. *J Mol Evol* **39**: 306-314
- Yoder, AD y Yang Z (2000) Estimation of primate speciation dates using local
molecular clocks. *Mol Biol Evol* **17**:1081-1090
- Zink RM, Blackwell-Rago RC y Ronquist F (2000) The shifting roles of dispersal and
vicariance in biogeography. *Proc. R. Soc. London B* **267**:497-503
- Zwickl DJ y Hillis DM (2002) Increased taxon sampling greatly reduces phylogenetic
error. *Syst Biol* **51**: 588–598

APÉNDICE 1: CARACTERES MOLECULARES

Matriz de alineación de 661 pares de bases del citocromo b mitocondrial

<i>Ortalis guttata</i>	cctcactggc	ctcctactag	ctatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis pantanalensis</i>	cctcactggc	ctcctactag	ctatacatta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis garrula</i>	cctcactggc	ctcctgctgg	ctatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis ruficauda</i>	cctcactggc	ctcctactag	ctatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis canicollis</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis poliocephala</i>	cctcactggc	ctcctactag	ctatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis leucogastra</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis vetula</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Ortalis motmot</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatacacta	cactgcagac	actacccttg
<i>Crax alector</i>	cctcactggc	ctcctactgg	ctatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Crax fasciolata</i>	cctcactggc	ctcctagtgg	ccatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Crax globulosa</i>	cctcactggc	ctcctactgg	ccatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Crax blumenbachii</i>	cctcactggc	ctcctactgg	acatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Crax daubentoni</i>	cctcactggc	ctcctactgg	ccatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Crax alberti</i>	cctcactggc	ctcctactgg	ccatacacta	cactgcagac	actaccctcg
<i>Crax rubra</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Pauxi gilliardi</i>	cctcactggc	ctcctgctgg	ccatgcaacta	caccgcagac	actacccttg
<i>Pauxi pauxi</i>	cctcactggc	ctcctgctgg	ccatgcaacta	caccgcagac	actacccttg
<i>Mitu tuberosa</i>	cctcactggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagac	accaccctcg
<i>Pauxi unicornis</i>	cctcactggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagac	accaccctcg
<i>Mitu salvini</i>	cctcactggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagac	accaccctcg
<i>Mitu tomentosa</i>	cctcactggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagac	accaccctcg
<i>Mitu mitu</i>	cctcactggc	ctcctactgg	ctatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Nothocrax urumutum</i>	cctcactggc	ctcctggtgg	ccatacacta	caccgcagac	actaccctcg
<i>Chamaepetes goudotti</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatacacta	cactgcagac	accaccctcg
<i>Chamaepetes unicolor</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatgcaacta	cactgcagac	accacccttg
<i>Pipile cumanensis</i>	cctcaccggc	ctcctattag	ccatacacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Pipile grayi</i>	cctcaccggc	ctcctattag	ccatacacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Pipile cujubi</i>	cctcaccggc	ctcctactag	ccatacacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Pipile jacutinga</i>	cctcaccggc	ctcctattag	ccatacacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Aburria aburri</i>	cctcaccggc	ctcctattag	ccacacacta	caccgcagat	gtcaccctcg
<i>Penelope jacquacu</i>	cctcaccggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Penelope purpurascens</i>	cctcaccggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagat	actaccctcg
<i>Penelope montagnii</i>	cctcaccggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagat	accacccttg
<i>Penelope aygyrotis</i>	cctcaccggc	ctcctgctgg	ccatacacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Penelope obscura</i>	cctcaccggc	ctcctgctgg	ccatacacta	cactgcagac	accaccctcg
<i>Penelope superciliaris</i>	cctcaccggc	ctcctattgg	ccatacacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Penelopina nigra</i>	cctcaccggc	ctcctactag	ccgcgcaacta	caccgcagat	accaccctcg
<i>Oreophasis derbianus</i>	cctcactggc	ctcctactag	ccatacatta	cactgcagac	accaccctcg
<i>Numida meleagris</i>	tatcaccggc	ctactactag	ctatacacta	cactgcagat	acctccctag
<i>Rheinardia ocellata</i>	cattaccggc	ctcctgctgg	ctgcacacta	caccgcagac	acctccctag
<i>Anhima cornuta</i>	~~~~acagga	ctcctactag	ccatacacta	cactgcagac	acctccctag
<i>Chauna torquata</i>	~~~~acagga	cttctactag	ccatacacta	cactgcagat	acctccctag
<i>Alectura lathamii</i>	cattacagga	ctactactag	ctgcacatta	cacagcagac	acctccctag
<i>Megapodius reinwardt</i>	~attacagga	ctcctactcg	ccgcacacta	caccgcagac	acctccctgg
<i>Ortalis guttata</i>	ctttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgttcagta	cggttgacta
<i>Ortalis pantanalensis</i>	ctttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgtccagta	tggttgacta
<i>Ortalis garrula</i>	ctttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgttcaata	tggttgacta
<i>Ortalis ruficauda</i>	ctttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgttcaata	tggttgacta
<i>Ortalis canicollis</i>	ctttctcctc	cgtagcccac	acatgccgaa	acgttcagta	tggttgacta
<i>Ortalis poliocephala</i>	ccttctcctc	cgtagcccac	acatgccgga	atgtccagta	tggttgacta
<i>Ortalis leucogastra</i>	ctttctcctc	cgtagcccac	acatgccgaa	acgtccagta	cggttgacta
<i>Ortalis vetula</i>	ctttctcctc	cgtagcccac	acatgccgaa	acgtccagta	cggttgacta
<i>Ortalis motmot</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgtccagta	tggttgacta
<i>Crax alector</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgtccagta	tggttgacta
<i>Crax fasciolata</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgtccagta	tggttgacta
<i>Crax globulosa</i>	cctttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgtccagta	cggttgacta
<i>Crax blumenbachii</i>	ccttctcctc	cgtagcccac	acatgccgga	acgtccagta	cggttgacta
<i>Crax daubentoni</i>	ccttctcctc	cgtagcccac	acatgccgaa	acgtccagta	tggttgacta
<i>Crax alberti</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgga	acgtccagta	tggttgacta
<i>Crax rubra</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgga	acgtccagta	cggttgacta
<i>Pauxi gilliardi</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgag	acgtccagta	tggttgacta
<i>Pauxi pauxi</i>	ccttctcctc	cgtagcccac	acatgccgag	acgtccagta	tggttgacta

<i>Mitu tuberosa</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	atatgccggg	acgtccaata	tggtgacta
<i>Pauxi unicornis</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	atatgccggg	acgtccaata	tggtgacta
<i>Mitu salvini</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	atatgccggg	acgtccaata	tggtgacta
<i>Mitu tomentosa</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	atatgccggg	acgtccaata	tggtgacta
<i>Mitu mitu</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgag	acgtccaata	tggtgacta
<i>Nothocrax urumutum</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgag	acgtccagta	cggtgacta
<i>Chamaepetes goudotti</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	tggtgacta
<i>Chamaepetes unicolor</i>	ccttctcctc	tgtggccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Pipile cumanensis</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Pipile grayi</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Pipile kujubi</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Pipile jacutinga</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Aburria aburri</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Penelope jacquacu</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Penelope purpurascens</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Penelope montagnii</i>	ccttctcctc	cgtagctcac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Penelope aygyrotis</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	tggtgacta
<i>Penelope obscura</i>	ccttttcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	tggtgacta
<i>Penelope superciliaris</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	tggtgacta
<i>Penelopina nigra</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Oreophasis derbianus</i>	ccttttcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	cggtgacta
<i>Numida meleagris</i>	ccttctcctc	cgtagccac	acatgccgaa	atgtccaata	cggtgacta
<i>Rheinardia ocellata</i>	ccttctcctc	cgtagccac	atatgccgaa	acgtacaata	cggtgactc
<i>Anhima cornuta</i>	ccttttcctc	cgtagccac	acatgccgaa	acgtccaata	tggtgacta
<i>Chauna torquata</i>	ccttttcctc	cgtagccac	acatgccgaa	atgtccagta	tggtgacta
<i>Alectura lathamii</i>	ccttctcctc	tgtagccac	atatgccgag	atgtccaata	tggtgacta
<i>Megapodius reinwardt</i>	ccttctcctc	cgtagccac	atatgtcgag	atgtacaata	cggtgactc
<i>Ortalis guttata</i>	attcgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctcc	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis pantanalensis</i>	attcgtaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis garrula</i>	attcgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis ruficauda</i>	attcgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis canicollis</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis poliocephala</i>	attcgtaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis leucogastra</i>	attcgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis vetula</i>	attcgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Ortalis motmot</i>	attcgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctct	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Crax alector</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Crax fasciolata</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Crax globulosa</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Crax blumenbachii</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	tgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Crax daubentoni</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	tgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Crax alberti</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cggtgctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Crax rubra</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Pauxi gilliardi</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Pauxi pauxi</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Mitu tuberosa</i>	atccgtaacc	tacacgcaaa	cggtgctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Pauxi unicornis</i>	atccgtaacc	tacacgcaaa	cggtgctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Mitu salvini</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Mitu tomentosa</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Mitu mitu</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tttgcacta
<i>Nothocrax urumutum</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cggtgctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Chamaepetes goudotti</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Chamaepetes unicolor</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Pipile cumanensis</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Pipile grayi</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Pipile kujubi</i>	attcgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Pipile jacutinga</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Aburria aburri</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Penelope jacquacu</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Penelope purpurascens</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Penelope montagnii</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Penelope aygyrotis</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Penelope obscura</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Penelope superciliaris</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Penelopina nigra</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	tgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Oreophasis derbianus</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Numida meleagris</i>	atccgcaacc	tacatgcaaa	cgggcctca	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Rheinardia ocellata</i>	atccgcaacc	ttcatgcaaa	tgggcctca	ttcttcttca	tctgcatctt
<i>Anhima cornuta</i>	atccgcaacc	tacacgcaaa	cgggcctcc	ttcttcttca	tttgcacta

<i>Chauna torquata</i>	atccgcaaca	tacacgcaaa	ggcgccctcc	ttcttcttca	tctgcatcta
<i>Alectura lathamii</i>	atccgcaacc	tccatgcaaa	ggcgccctct	ttcttcttca	tctgtatcta
<i>Megapodius reinwardt</i>	atccgaaatc	tacatgcaaa	ggcgcttca	ctcttcttca	tctgtgtcta
<i>Ortalis guttata</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tttactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis pantanalensis</i>	ccttcacatt	ggtcgcggt	tttactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis garrula</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis ruficauda</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis canicollis</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tttactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis poliocephala</i>	cctccacatc	ggtcgcggt	tctactatgg	ctcatactctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis leucogastra</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tttactatgg	ctcttacctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis vetula</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tttactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Ortalis motmot</i>	ccttcacatt	ggccgcggt	tttactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Crax alector</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tacaaagaaa
<i>Crax fasciolata</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tacaaagaaa
<i>Crax globulosa</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tacaaagaaa
<i>Crax blumenbachii</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tacaaagaaa
<i>Crax daubentoni</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tacaaagaaa
<i>Crax alberti</i>	cctgcacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tacaaggaaa
<i>Crax rubra</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tataagaaa
<i>Pauxi gilliaridi</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Pauxi pauxi</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactatgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Mitu tuberosa</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tataagaaa
<i>Pauxi unicornis</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tataagaaa
<i>Mitu salvini</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Mitu tomentosa</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Mitu mitu</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Nothocrax urumutum</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctt	tacaaagaaa
<i>Chamaepetes goudotti</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tttactacgg	ctcatacctc	tacaaggaaa
<i>Chamaepetes unicolor</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tttactacgg	ctcatacctc	tacaaggaaa
<i>Pipile cumanensis</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Pipile grayi</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Pipile cujubi</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Pipile jacutinga</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcgtacctc	tacaaagaaa
<i>Aburria aburri</i>	cctccacatt	ggtcgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tataagaaa
<i>Penelope jacquacu</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Penelope purpurascens</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Penelope montagnii</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcgtacctc	tacaaagaaa
<i>Penelope ayyrotis</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Penelope obscura</i>	tctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	ctcgtacctc	tacaaagaaa
<i>Penelope superciliaris</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tttactacgg	ctcgtacctt	tacaaagaaa
<i>Penelopina nigra</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Oreophanus derbianus</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctattacgg	ctcatacctc	tacaaagaaa
<i>Numida meleagris</i>	cctccacatt	ggccgaggt	tatactacgg	ctcctaccta	tacaaagaaa
<i>Rheinardia ocellata</i>	ccttcacatc	ggagcgaggt	tatactatgg	ctcctacctc	tataagaaa
<i>Anhima cornuta</i>	ccttcacatc	ggccgaggt	tctactacgg	ctcctacctc	tacaaagaaa
<i>Chauna torquata</i>	cctccacatc	ggtcgaggt	tctattacgg	ctcctacctc	tacaaagaaa
<i>Alectura lathamii</i>	cctccacatt	ggccgcggt	tctactatgg	ctcctaccta	ttcaagaaa
<i>Megapodius reinwardt</i>	cctccacatc	ggccgcggt	tctactacgg	atcctaccta	ttcaagaaa
<i>Ortalis guttata</i>	cctgaaatac	aggagtagtc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Ortalis pantanalensis</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Ortalis garrula</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttt
<i>Ortalis ruficauda</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Ortalis canicollis</i>	cctggaacac	aggagtagtt	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Ortalis poliocephala</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttt
<i>Ortalis leucogastra</i>	cctgaaacac	aggggtaatc	ctcctgctag	tactcatagc	aactgctttc
<i>Ortalis vetula</i>	cctgaaacac	aggggtaatc	ctcctgctag	tactcatagc	aactgctttc
<i>Ortalis motmot</i>	cctgaaacac	aggagtaatt	ctcctactag	tactcatagc	aactgctttc
<i>Crax alector</i>	cctgaaacac	aggagttatc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Crax fasciolata</i>	cctgaaacac	aggagttatc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Crax globulosa</i>	cctgaaacac	aggagttatc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttt
<i>Crax blumenbachii</i>	cctgaaacac	aggagttatc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttc
<i>Crax daubentoni</i>	cctgaaacac	gggagttatc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttc
<i>Crax alberti</i>	cctgaaacac	aggagttatc	ctcctactaa	cgcttatagc	aactgctttc
<i>Crax rubra</i>	cctgaaacac	aggaattatc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttc
<i>Pauxi gilliaridi</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttc
<i>Pauxi pauxi</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttc
<i>Mitu tuberosa</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Pauxi unicornis</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttc

<i>Mitu salvini</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tgcttatagc	aactgctttc
<i>Mitu tomentosa</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	tactcatagc	aactgctttt
<i>Mitu mitu</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	cacttatagc	aactgctttc
<i>Nothocrax urumutum</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctgtag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Chamaepetes goudotti</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tactcatagc	aactgccttc
<i>Chamaepetes unicolor</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactaa	tactcatagc	aactgccttc
<i>Pipile cumanensis</i>	cttgaaacac	gggagtaatc	ctcctgtag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Pipile grayi</i>	cttgaaacac	gggagtaatc	ctcctgtag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Pipile kujubi</i>	cttgaaacac	gggagtaatc	ctcctgtag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Pipile jacutinga</i>	cttgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Aburria aburri</i>	cttgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	tacttatagc	aactgctttc
<i>Penelope jacquacu</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctactgg	tactcatagc	aactgctttc
<i>Penelope purpurascens</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactgg	tacttatagc	aactgctttc
<i>Penelope montagnii</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactgg	tactcatagc	aactgctttc
<i>Penelope aygyrotis</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctgtag	tactcatagc	aaccgctttc
<i>Penelope obscura</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	tactcatagc	aactgctttc
<i>Penelope superciliaris</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctactag	tactcatagc	aactgctttc
<i>Penelopina nigra</i>	cttgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	ttctcatagc	aactgccttc
<i>Oreophasis derbianus</i>	cctgaaacac	aggagtagtc	ctcctactag	tacttatagc	aaccgctttt
<i>Numida meleagris</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctcctca	cactaatagc	aaccgctttc
<i>Rheinardia ocellata</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctcctta	cacttatagc	aactgccttc
<i>Anhima cornuta</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctcctaa	ccctcatagc	aacagccttc
<i>Chauna torquata</i>	cctgaaacac	aggagtagta	ctactcctaa	ccctcatagc	aaccgccttc
<i>Alectura lathamii</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctcctaa	ccctcatagc	aactgccttc
<i>Megapodius reinwardt</i>	cctgaaacac	aggagtaatc	ctcctcctaa	ccctcatagc	aactgccttc
<i>Ortalis guttata</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gggccaccgt
<i>Ortalis pantanalensis</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gggccactgt
<i>Ortalis garrula</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcggtctgag	gggccaccgt
<i>Ortalis ruficauda</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcggtctgag	gggccaccgt
<i>Ortalis canicollis</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagccaccgt
<i>Ortalis poliocephala</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagccaccgt
<i>Ortalis leucogastra</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gggccaccgt
<i>Ortalis vetula</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gggccaccgt
<i>Ortalis motmot</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gggccaccgt
<i>Crax alector</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Crax fasciolata</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Crax globulosa</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Crax blumenbachii</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Crax daubentoni</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Crax alberti</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Crax rubra</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Pauxi gilliaridi</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Pauxi pauxi</i>	gtgggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Mitu tuberosa</i>	gtgggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Pauxi unicornis</i>	gtgggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Mitu salvini</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Mitu tomentosa</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Mitu mitu</i>	gtaggtatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gcgctaccgt
<i>Nothocrax urumutum</i>	gtagggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gtgctaccgt
<i>Chamaepetes goudotti</i>	gtagggatg	tactcccatg	gggacagata	tcattctgag	gagccaccgt
<i>Chamaepetes unicolor</i>	gtagggatg	tactcccatg	gggacagata	tcattctgag	gagccaccgt
<i>Pipile cumanensis</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagccactgt
<i>Pipile grayi</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagccactgt
<i>Pipile kujubi</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagccactgt
<i>Pipile jacutinga</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagccactgt
<i>Aburria aburri</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagccactgt
<i>Penelope jacquacu</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Penelope purpurascens</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	gggacagata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Penelope montagnii</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	gggacagata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Penelope aygyrotis</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Penelope obscura</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Penelope superciliaris</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Penelopina nigra</i>	gtaggatg	ttctcccatg	gggacaaata	tcattctgag	gggctaccgt
<i>Oreophasis derbianus</i>	gtaggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Numida meleagris</i>	gtaggctag	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gggctaccgt
<i>Rheinardia ocellata</i>	gtaggctag	tactcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagctaccgt
<i>Anhima cornuta</i>	gtaggatg	ttctcccatg	gggacaaata	tcattctgag	gggctaccgt
<i>Chauna torquata</i>	gtaggatacg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gagcaaccgt
<i>Alectura lathamii</i>	gtgggatg	ttctcccatg	aggacaaata	tcattctgag	gtgctaccgt

<i>Megapodius reinwardt</i>	ggtggctatg	tgcttccatg	agggcaaata	tccttctgag	gggctaccgt
<i>Ortalis guttata</i>	cattaccaat	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Ortalis pantanalensis</i>	catcaccaac	ctattctcag	ctatcccata	tatcggacaa	accctagtag
<i>Ortalis garrula</i>	cattaccaat	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Ortalis ruficauda</i>	cattaccaat	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Ortalis canicollis</i>	cattaccaat	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Ortalis poliocephala</i>	cattaccaat	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Ortalis leucogastra</i>	cattaccaat	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Ortalis vetula</i>	cattaccaat	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Ortalis motmot</i>	cattaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	gccctagtag
<i>Crax alector</i>	catcactaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Crax fasciolata</i>	catcactaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Crax globulosa</i>	tatcactaac	ctatttctcag	ccatcccata	cgtcggacaa	accctggtag
<i>Crax blumenbachii</i>	catcactaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Crax daubentoni</i>	catcactaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Crax alberti</i>	catcactaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Crax rubra</i>	catcactaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Pauxi gilliardi</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	cattggacaa	accctagtag
<i>Pauxi pauxi</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	cattggacaa	accctagtag
<i>Mitu tuberosa</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Pauxi unicornis</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Mitu salvini</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Mitu tomentosa</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Mitu mitu</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Nothocrax urumutum</i>	catcactaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Chamaepetes goudotti</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Chamaepetes unicolor</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Pipile cumanensis</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tattggacaa	accctagtag
<i>Pipile grayi</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tattggacaa	accctagtag
<i>Pipile cujubi</i>	tatcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	cattggacaa	accctagtag
<i>Pipile jacutinga</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tattggacaa	accctagtag
<i>Aburria aburri</i>	tatcaccaac	ctatttctcag	ccatcccata	tattggacaa	accctagtag
<i>Penelope jacquacu</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Penelope purpurascens</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Penelope montagnii</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Penelope aygyrotis</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tatcggacaa	accctagtag
<i>Penelope obscura</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tatcggacaa	accctggtag
<i>Penelope superciliaris</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tatcggacaa	accctggtag
<i>Penelopina nigra</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tattggacaa	accctagtag
<i>Oreophasis derbianus</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Numida meleagris</i>	tattactaat	ctattctcag	ctatcccata	cattggacaa	accctagtag
<i>Rheinardia ocellata</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	tattggacaa	accctagtag
<i>Anhima cornuta</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Chauna torquata</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	catcggacaa	accctagtag
<i>Alectura lathamii</i>	catcaccaac	ctattctcag	ccatcccata	cattggacaa	accctggtag
<i>Megapodius reinwardt</i>	catcaccaac	ctattctcag	ctatcccata	catcggacaa	accctggtag
<i>Ortalis guttata</i>	aatgagcttg	agggggggttc	tcagtcgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Ortalis pantanalensis</i>	aatgggcttg	agggggggttc	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Ortalis garrula</i>	aatgagcttg	aggaggattc	tcagtcgaca	atccaacctt	aacacgattc
<i>Ortalis ruficauda</i>	aatgagcttg	aggagggttc	tcagtcgaca	atccaacctt	aacacgattc
<i>Ortalis canicollis</i>	aatgggcttg	aggaggattc	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Ortalis poliocephala</i>	aatgggcttg	aggggggattc	tcagtcgaca	atccaacctt	aacacgattc
<i>Ortalis leucogastra</i>	aatgggcttg	aggggggattc	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Ortalis vetula</i>	aatgggcttg	aggggggattc	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Ortalis motmot</i>	aatgagcttg	aggggggattc	tcagtcgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Crax alector</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Crax fasciolata</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Crax globulosa</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Crax blumenbachii</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Crax daubentoni</i>	aatgagcctg	aggggggattt	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Crax alberti</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Crax rubra</i>	aatgagcctg	aggggggattc	tcagttgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Pauxi gilliardi</i>	aatgaacctg	aggaggattt	tcagtcgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Pauxi pauxi</i>	aatgaacctg	aggaggattt	tcagtcgaca	accacacctt	aacacgattc
<i>Mitu tuberosa</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagtcgata	accacacctt	aacacgattc
<i>Pauxi unicornis</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagtcgata	accacacctt	aacacgattc
<i>Mitu salvini</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagtcgata	accacacctt	aacacgattc
<i>Mitu tomentosa</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagtcgata	accacacctt	aacacgattc

<i>Mitu mitu</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagtcgata	acccaacctt	aacacgattc
<i>Nothocrax urumutum</i>	aatgggcctg	aggaggattt	tcagtcgaca	acccgacctt	aacacgattc
<i>Chamaepetes goudotti</i>	aatgagcttg	agggggattt	tcagtcgaca	atcctacctt	aacacgattc
<i>Chamaepetes unicolor</i>	aatgagcctg	aggggggattt	tcagtcgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Pipile cumanensis</i>	aatgagcttg	aggaggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Pipile grayi</i>	aatgagcttg	aggaggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Pipile cujubi</i>	aatgagcttg	aggaggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Pipile jacutinga</i>	aatgaacttg	agggggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Aburria aburri</i>	agtgagcctg	aggaggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Penelope jacquacu</i>	aatgagcctg	agggggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Penelope purpurascens</i>	aatgagcctg	agggggattt	tcagtcgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Penelope montagnii</i>	aatgagcctg	aggaggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Penelope ayyrotis</i>	aatgggcctg	agggggattt	tcagtcgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Penelope obscura</i>	aatgagcctg	agggggattt	tcagtcgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Penelope superciliaris</i>	aatgagcctg	aggtggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Penelopina nigra</i>	aatgggcctg	agggggattt	tcagttgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Oreophasis derbianus</i>	agtgggcctg	agggggattt	tcagtcgaca	acccaacctt	aacacgattc
<i>Numida meleagris</i>	agtgggcctg	gggagggtt	tcagtcgaca	accccacctt	cactcgattt
<i>Rheinardia ocellata</i>	aatgagcctg	aggggggtt	tcagtcgaca	accctacctt	taccgattc
<i>Anhima cornuta</i>	aatgggcctg	agggggattt	tcagtcgaca	acccaactt	caccgattc
<i>Chauna torquata</i>	aatgagcctg	agggggattt	tcagtcgaca	acccaacctt	cactcgattc
<i>Alectura lathamii</i>	aatgagcatg	agggggattt	tcagtagaca	acccaacctt	aaccgattt
<i>Megapodius reinwardt</i>	aatgggcctg	agggggattt	tccgtagaca	accctacctt	aaccgattc
<i>Ortalis guttata</i>	ttcgctctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis pantanalensis</i>	ttcgctctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis garrula</i>	ttcgccctac	acttcttatt	accctttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis ruficauda</i>	ttcgccctac	acttcttatt	accctttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis canicollis</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis poliocephala</i>	ttcgctctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis leucogastra</i>	ttcgctctac	actttttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis vetula</i>	ttcgctctac	actttttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Ortalis motmot</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Crax alector</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Crax fasciolata</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Crax globulosa</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Crax blumenbachii</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Crax daubentoni</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Crax alberti</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Crax rubra</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Pauxi gilliardi</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Pauxi pauxi</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Mitu tuberosa</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Pauxi unicolor</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Mitu salvini</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Mitu tomentosa</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Mitu mitu</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Nothocrax urumutum</i>	ttcgccctac	acttcttact	accatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Chamaepetes goudotti</i>	tttggcctgc	acttcttact	tccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Chamaepetes unicolor</i>	ttcgccctac	acttcttact	tccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Pipile cumanensis</i>	ttcgccctac	acttcttact	tccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Pipile grayi</i>	ttcgccctac	acttcttact	tccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Pipile cujubi</i>	ttcgccctac	acttcttact	tccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Pipile jacutinga</i>	ttcgccctac	acttcttact	tccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Aburria aburri</i>	ttcgccctac	acttcttact	tccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Penelope jacquacu</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Penelope purpurascens</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Penelope montagnii</i>	ttcgccctgc	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Penelope ayyrotis</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Penelope obscura</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Penelope superciliaris</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Penelopina nigra</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Oreophasis derbianus</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Numida meleagris</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Rheinardia ocellata</i>	ttcgctctgc	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Anhima cornuta</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Chauna torquata</i>	ttcgccctac	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Alectura lathamii</i>	ttcgccctgc	acttcttact	cccatttgca	atcgcaggca	ttaccgtaat
<i>Megapodius reinwardt</i>	tttggcctac	acttcttact	cccatttgta	atcgcaggca	ttaccgtaat

<i>Ortalis guttata</i>	ccatctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacca	ctaggactca
<i>Ortalis pantanalensis</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Ortalis garrula</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ttaggactca
<i>Ortalis ruficauda</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ttaggactca
<i>Ortalis canicollis</i>	ccatctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Ortalis poliocephala</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	gaacaacccc	ctaggactca
<i>Ortalis leucogastra</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Ortalis vetula</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Ortalis motmot</i>	ccatctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Crax alector</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Crax fasciolata</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Crax globulosa</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Crax blumenbachii</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Crax daubentoni</i>	ccacctcacc	tttctccacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Crax alberti</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Crax rubra</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Pauxi gilliardi</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Pauxi pauxi</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Mitu tuberosa</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Pauxi unicornis</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Mitu salvini</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Mitu tomentosa</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Mitu mitu</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Nothocrax urumutum</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Chamaepetes goudotti</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Chamaepetes unicolor</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Pipile cumanensis</i>	tcacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Pipile grayi</i>	tcacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Pipile kujubi</i>	tcacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Pipile jacutinga</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Aburria aburri</i>	tcacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Penelope jacquacu</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Penelope purpurascens</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Penelope montagnii</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Penelope aygyrotis</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Penelope obscura</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Penelope supercilii</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Penelopina nigra</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Oreophasis derbianus</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Numida meleagris</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Rheinardia ocellata</i>	ccacctcacc	tttctacatg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Anhima cornuta</i>	ccacctcacc	ttccttcacg	agtccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Chauna torquata</i>	tcatttaacc	ttccttcacg	aatctggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Alectura lathamii</i>	ccatctcacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Megapodius reinwardt</i>	ccatttaacc	ttccttcacg	aatccggctc	aaacaacccc	ctaggactca
<i>Ortalis guttata</i>	catctgattg	cgacaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis pantanalensis</i>	catccgattg	cgataaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis garrula</i>	catccgattg	cgacaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis ruficauda</i>	catccgattg	cgacaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis canicollis</i>	catccgattg	cgacaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis poliocephala</i>	catccgattg	cgataaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis leucogastra</i>	catccgattg	cgataaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis vetula</i>	catccgattg	cgataaaaatt	cctttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Ortalis motmot</i>	cgcttgattg	cgataaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Crax alector</i>	catccgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Crax fasciolata</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Crax globulosa</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Crax blumenbachii</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Crax daubentoni</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Crax alberti</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Crax rubra</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Pauxi gilliardi</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Pauxi pauxi</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Mitu tuberosa</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Pauxi unicornis</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Mitu salvini</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Mitu tomentosa</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac
<i>Mitu mitu</i>	catctgattg	tgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cttaaaagac

<i>Nothocrax urumutum</i>	catctgactg	tgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagac
<i>Chamaepetes goudotti</i>	tatccgattg	tgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagac
<i>Chamaepetes unicolor</i>	tatccgattg	tgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagac
<i>Pipile cumanensis</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Pipile grayi</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Pipil kujubi</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Pipile jacutinga</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Aburria aburri</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Penelope jacquacu</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Penelope purpurascens</i>	catctgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Penelope montagnii</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagac
<i>Penelope aygyrotis</i>	catccgactg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Penelope obscura</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	tctaaaagat
<i>Penelope supercilii</i>	catccgactg	tgacaaaatc	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagat
<i>Penelopina nigra</i>	catccgattg	cgacaaaatc	cccttccacc	cttacttctc	cctaaaagat
<i>Oreophasis derbianus</i>	catccaattg	cgacaaaatt	cccttccacc	cctacttctc	cctaaaagac
<i>Numida meleagris</i>	catccaactc	agacaaaatc	ccattccacc	cctactactc	catcaaagac
<i>Rheinardia ocellata</i>	catctaactc	tgacaaaatc	ccattccacc	catactactc	cctcaaagac
<i>Anhima cornuta</i>	tatcagactg	cgataaaaatt	ccattccacc	catacttttc	actaaaagac
<i>Chauna torquata</i>	catcagactc	cgacaaaatt	ccattccacc	catacttttc	gctaaaagac
<i>Alectura lathamii</i>	tatcagactg	tgacaaaatc	cccttccacc	cttacttctc	actgaaagac
<i>Megapodius reinwardt</i>	tatcagactg	cgacaaaatc	ccattccacc	catacttctc	actaaaagac
<i>Ortalis guttata</i>	atcctaggct	tttcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Ortalis pantanalensis</i>	attctaggct	ttgcgctcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Ortalis garrula</i>	atcctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Ortalis ruficauda</i>	atcctaggct	tttcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Ortalis canicollis</i>	atcctaggct	tctcaactcat	gttcatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Ortalis poliocephala</i>	atcctaggct	ttgcactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Ortalis leucogastra</i>	atcctgggct	tttcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Ortalis vetula</i>	atcctgggct	tttcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Ortalis motmot</i>	atcctaggct	tttcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Crax alector</i>	attctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Crax fasciolata</i>	atcctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Crax globulosa</i>	atcctagggt	tctcatacat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Crax blumenbachii</i>	atcctagggt	tctcatgcat	gttcatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Crax daubentoni</i>	atcctaggct	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Crax alberti</i>	atcctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Crax rubra</i>	atcctagggt	tctcgtgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttttt
<i>Pauxi gillardi</i>	atcctagggt	tctcgtgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Pauxi pauxi</i>	atcctagggt	tctcgtgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Mitu tuberosa</i>	atcctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Pauxi unicornis</i>	atcctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Mitu salvini</i>	atcctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Mitu tomentosa</i>	atcctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Mitu mitu</i>	atcctagggt	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Nothocrax urumutum</i>	attctgggct	tctcatgcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Chamaepetes goudotti</i>	attctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctactaacac	tcgccttctt
<i>Chamaepetes unicolor</i>	atcctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctactaacac	tcgccttctt
<i>Pipile cumanensis</i>	attctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Pipile grayi</i>	attctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Pipile kujubi</i>	attctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Pipile jacutinga</i>	atcctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Aburria aburri</i>	attctgggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Penelope jacquacu</i>	atcctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Penelope purpurascens</i>	atcctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Penelope montagnii</i>	atcctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Penelope aygyrotis</i>	atcttaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Penelope obscura</i>	atcttaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Penelope supercilii</i>	atcttaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	ttgccttctt
<i>Penelopina nigra</i>	atcctaggct	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Oreophasis derbianus</i>	attctagggt	tctcaactcat	atccatcccc	ctcctaacac	tcgccttctt
<i>Numida meleagris</i>	atcctaggcc	taacacttat	actcacccca	ctcctaacc	tagccctatt
<i>Rheinardia ocellata</i>	atcctaggcc	taacacttat	actcacccca	ctcctcacac	tagccctatt
<i>Anhima cornuta</i>	atcctggct	tcatacctat	actaaccccc	ctaataacac	tagccctatt
<i>Chauna torquata</i>	atcctaggct	ttaccctaat	actaaccccc	ttaataacac	tagccctatt
<i>Alectura lathamii</i>	atcctaggcc	tcatacctat	gctcactccc	cttctcacac	taaccctatt
<i>Megapodius reinwardt</i>	atcctaggcc	tcatacctat	acttatcccc	ctactcacac	tagccctatt
<i>Ortalis guttata</i>	ccaccccaac	ctcctaggag	accagaaaa	ttttacacca	gcaaacctt

<i>Ortalis pantanalensis</i>	ccacccaac	ctcctaggag	accagaaaa	ctttacacca	gcaaaccccc
<i>Ortalis garrula</i>	ccaccctaac	ctcctaggag	accagaaaa	ttttacacca	gcaaaccccc
<i>Ortalis ruficauda</i>	ccacccaac	ctcctaggag	accagaaaa	ttttacacca	gcaaaccccc
<i>Ortalis canicollis</i>	ccacccaac	ctcctaggag	accagaaaa	ttttacaccg	gcaaaccccc
<i>Ortalis poliocephala</i>	ccacccaac	ctcctaggag	atccagaaaa	ctttacacca	gcaaaccccc
<i>Ortalis leucogastra</i>	ccaccctaac	ctcctaggaa	accagaaaa	ttttacacca	gcaaaccccc
<i>Ortalis vetula</i>	ccaccctaac	ctcctaggag	accagaaaa	ttttacacca	gcaaagcccc
<i>Ortalis motmot</i>	ccaccctaac	ctcctaggag	accagaaaa	ttttacacca	ggaaaccccc
<i>Crax alector</i>	ccatcctaac	ctcctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Crax fasciolata</i>	ccatcctaac	ctcctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Crax globulosa</i>	ccacccaac	ctcctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcaaaccccc
<i>Crax blumenbachii</i>	ccatcctaac	ctcctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Crax daubentoni</i>	ccaccctaac	ctcctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccctt
<i>Crax alberti</i>	ccaccctaac	ctcctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Crax rubra</i>	ccaccctaac	ctcctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Pauxi gilliardi</i>	ccaccctaac	cttctggggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Pauxi pauxi</i>	ccaccctaac	cttctggggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Mitu tuberosa</i>	ccaccctaac	cttctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Pauxi unicornis</i>	ccaccctaac	cttctggggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Mitu salvini</i>	ccaccctaac	cttctggggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Mitu tomentosa</i>	ccaccctaac	cttctggggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccccc
<i>Mitu mitu</i>	ccaccctaac	cttctagggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaatcccc
<i>Nothocrax urumutum</i>	ccacccaac	cttctggggg	accctgaaaa	ctttacacca	gcgaaccctc
<i>Chamaepetes goudotti</i>	caaccctaac	cttctggggg	accagaaaa	ttttacacca	gaaatcccc
<i>Chamaepetes unicolor</i>	caaccctaac	cttctggggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Pipile cumanensis</i>	caaccctaat	cttctagggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Pipile grayi</i>	caaccctaat	cttctagggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Pipile kujubi</i>	caaccctaat	cttctagggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Pipile jacutinga</i>	caaccctaat	cttctagggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Aburria aburri</i>	caaccctaat	cttctagggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Penelope jacquacu</i>	caaccctaat	ctcctaggag	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Penelope purpurascens</i>	caaccctaat	cttctaggag	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Penelope montagnii</i>	caaccctaat	cttctaggag	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Penelope ayyrotis</i>	caaccctaat	ctcctaggag	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Penelope obscura</i>	taaccctaac	cttctaggag	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Penelope superciliaris</i>	caaccctaat	cttctaggag	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Penelopina nigra</i>	caacccaac	cttctggggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Oreophasis derbianus</i>	ccacccaac	cttctagggg	accagaaaa	ctttacacca	gaaatcccc
<i>Numida meleagris</i>	ctccccaaac	ctactaggtg	accagaaaa	ctttaccca	gcaaccctac
<i>Rheinardia ocellata</i>	ctaccctaat	ctactaggtg	atccagagaa	tttactcca	gaaatccac
<i>Anhima cornuta</i>	ctcccctaac	ctcctaggcg	accagaaaa	ctttaccca	gaaatccac
<i>Chauna torquata</i>	ctctcccaac	ctcctaggag	accagaaaa	ctttaccca	gaaatccac
<i>Alectura lathamii</i>	ctccccgaat	ctcctagggg	aaccagaaaa	ttttaccccc	gtaaccctac
<i>Megapodius reinwardt</i>	ctctcccaat	ctcctaggcg	accagaaaa	ctttaccccc	gcaaccctac
<i>Ortalis guttata</i>	tagttactca	c			
<i>Ortalis pantanalensis</i>	taatcactcc	c			
<i>Ortalis garrula</i>	tagttactcc	c			
<i>Ortalis ruficauda</i>	tagttactcc	a			
<i>Ortalis canicollis</i>	tagttactcc	c			
<i>Ortalis poliocephala</i>	tagttactcc	c			
<i>Ortalis leucogastra</i>	tcgttacccc	c			
<i>Ortalis vetula</i>	tcgttacccc	a			
<i>Ortalis motmot</i>	tagtcactcc	a			
<i>Crax alector</i>	tagttacccc	t			
<i>Crax fasciolata</i>	tagttaccct	c			
<i>Crax globulosa</i>	tagtcacccc	c			
<i>Crax blumenbachii</i>	tagtcactcc	c			
<i>Crax daubentoni</i>	tagtcacccc	c			
<i>Crax alberti</i>	tagtcactcc	c			
<i>Crax rubra</i>	tggtcacccc	c			
<i>Pauxi gilliardi</i>	tagttacccc	c			
<i>Pauxi pauxi</i>	tagttacccc	c			
<i>Mitu tuberosa</i>	tagtcactcc	c			
<i>Pauxi unicornis</i>	tagtcccccc	c			
<i>Mitu salvini</i>	tagtcacccc	c			
<i>Mitu tomentosa</i>	tagtccccct	c			
<i>Mitu mitu</i>	tagtcacccc	c			

Nothocrax urumutum tagtcacccc t
Chamaepetes goudotti tagtcaccct c
Chamaepetes unicolor tagtcacccc t
Pipile cumanensis tagtcaccct c
Pipile grayi tagtcaccct c
Pipile cujubi tagtcaccct c
Pipile jacutinga tagtcaccct c
Aburria aburri tagtcacccc t
Penelope jacquacu tagtcaccct c
Penelope purpurascens tagtcacccc t
Penelope montagnii tagtcacccc t
Penelope aygyrotis tagtcacccc t
Penelope obscura tagtcacccc t
Penelope superciliaris tagttacccc t
Penelopina nigra tagtcacccc t
Oreophasis derbianus tagtcacccc c
Numida meleagris tagtaacacc c
Rheinardia ocellata tagtaactcc a
Anhima cornuta tagtcacacc c
Chauna torquata tagtcacacc c
Alectura lathamii tcgtcacacg c
Megapodius reinwardt tcgtcacacc g

;
END;

APÉNDICE 2: LISTA DE CARACTERES OSTEOOLÓGICOS

Ossa cranii: os frontale, os parietale, os lacrimale, os ectethmoidale, os mesethmoidale

1. Depresión frontal por la presencia de la *Ossa frontales*: (CI: 1.000)
 0. Pequeña
 1. Bien desarrollada
 2. Ausente
2. Estrechamiento de la *Ossa frontales* al tocar el proceso supra-orbital de la *Os Lacrimale*: (CI: 0.333)
 0. Ausente
 1. Presente
3. Proceso Lacrimal: (CI: 0.500)
 0. Pequeño
 1. Bien desarrollado
4. Proyección Dorsal de la *Ossa frontales*: (CI: 0.667)
 0. Ausente
 1. Forma triangular
 2. Casi rectangular
5. *Crista temporalis*: (CI: 1.000)
 0. Pequeña
 1. Bien desarrollada
6. Tamaño de la *Os Lacrimale*: (CI: 0.333)
 0. Pequeña
 1. Bien desarrollada
7. *Zona flexoria craniofacialis*: (CI: 0.333)
 0. Pequeña e incospicua
 1. Discreta
8. *Fenestra antorbitalis*: (CI: 0.500)
 0. Bien definida
 1. Inconspicua
9. Extensión de la articulación del proceso supra-orbital de la *Os lacrimale* con la *Os frontale*: (CI: 0.667)
 0. Cerca del 10%

1. Cerca del 90%
2. Cerca del 50%
10. Muesca en el ducto nasolacrimal: (CI: 0.200)
 0. Presente
 1. Ausente
11. Proceso mediocaudal en el ducto nasolacrimal: (CI: 1.000)
 0. Ausente
 1. Presente
12. Proceso supra-orbital del *Os lacrimale* tocando la porción dorsolateral del Proceso maxilopalatino: (CI: 0.500)
 0. Ausente
 1. Presente
13. Extremo caudal del proceso supra-orbital de la *Os lacrimale*: (CI: 1.000)
 0. Extremo caudal del proceso supra-orbital de la *Os lacrimale*
 1. Libre
14. Proceso orbital del *Os lacrimale*: (CI: 0.500)
 0. Presente
 1. Ausente
15. Tamaño del proceso orbital del *Os lacrimale*: (CI: 0.400)
 0. Corto
 1. Largo
 2. Muy-largo
16. Extremo ventral del proceso orbital del *Os lacrimale*: (CI: 0.500)
 0. Puntiagudo
 1. Redondeado
17. Proceso orbital del *Os lacrimale*:
 0. Con orientación caudoventral
 1. Orientación ventral media
18. *Os ectethmoidale*: (CI: 0.500)
 0. Desarrollado
 1. Reducido o vestigial
19. *Foramen orbitonasale mediale*: (CI: 0.500)
 0. Presente
 1. Ausente

20. *Os mesethmoidale*: (CI: 1.000)

0. Reducido

1. Bien-Desarrollado

Os parasphenoidale, os basisphenoidale, os laterosphenoidale, os squamosum

21. *Fonticuli orbitocraniales*: (CI: 0.333)

0. Reducido

1. Amplio

22. Extremo caudal del *Os parasphenoidale*: (CI: 0.250)

0. Claramente delimitando la región occipital

1. No limita la región occipital

23. Proceso en el lado laterocaudal del *Os parasphenoidale*: (CI: 0.500)

0. Ausente

1. Presente

24. Proyección ósea cubriendo la *Tuba auditiva communis*: (CI: 1.000)

0. Presente

1. Ausente

25. Convección ventral en posición caudal a la *Tuba auditiva communis*:(CI: 0.250)

0. Ausente

1. Presente

26. Fossa lateral en la convección ventral en posición caudal a la *Tuba auditiva communis*: (CI: 1.000)

0. Ausente

1. Presente

27. *Rostris parasphenoidale* haciendo contacto con la Fossa choanalis del *Os palatinum*: (CI: 1.000)

0. Presente

1. Ausente

28. *Area muscularis aspera*: (CI: 0.500)

0. Discreto

1. Pequeño

29. Fosa en el *Area muscularis aspera*: (CI: 0.333)

0. Ausente

1. Presente

30. Cresta en el *Area muscularis aspera*: (CI: 0.500)
- 0. Presente
 - 1. Ausente
31. Proceso caudal hacia el proceso suprameatico: (CI: 0.167)
- 0. Ausente
 - 1. Presente
32. Longitud de la *Fossa musculorum temporalium*: (CI: 0.500)
- 0. Corta y restringida a la porción lateral del cráneo
 - 1. Muy larga alcanzando la Crista tranvsersa
33. Cresta en la *Fossa musculorum temporalium*: (CI: 0.250)
- 0. Pequeña o vestigial
 - 1. Discreta
34. Fosa en la porción caudal de la *Fossa musculorum temporalium*: (CI: 0.500)
- 0. Ausente
 - 1. Presente

Os basioccipitale, os exoccipitale, os supraoccipitale

35. *Fossa subcondylaris*: (CI: 0.333)
- 0. Profunda
 - 1. Superficial
36. *Tuberculum basilare*: (CI: 0.200)
- 0. Grande
 - 1. Pequeño o vestigial
37. *Fonticulus occipitalis*: (CI: 1.000)
- 0. Ausente
 - 1. Presente
38. *Proeminencia cerebelaris*: (CI: 0.500)
- 0. Grande
 - 1. Pequeño

Ossa faciei: os nasale, os premaxillare, os maxillare

39. *Os nasale processus premaxillaris*: (CI: 0.333)
- 0. Fusionada medioventralmente debajo de la Os premaxillare
 - 1. Paralela a la Os premaxillare

- 40. Forma de las narinas: (CI: 0.667)
 - 0. Elípticas
 - 1. Ovoides
 - 2. Redondas
- 41. Tubérculo en el *Os nasale*: (CI: 0.500)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 42. Proceso en el *Os premaxillare*: (CI: 1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 43. Porción ventral del *Rostrum maxillae*: (CI: 1.000)
 - 0. Recto
 - 1. Decurvado
- 44. Forma de la elevación dorsal del *Os premaxillare*: (CI: 0.667)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente redonda
 - 2. Presente aproximadamente rectangular

Os palatinum, vomer, os pterygoideum, os jugale

- 45. Paladar: (CI: 1.000)
 - 0. Desmognathous
 - 1. Squizognathous
- 46. *Fenestra palatina*: (CI: 0.500)
 - 0. Amplia
 - 1. Delgada y Pequeña
- 47. *Processus maxillopalatinus*: (CI: 0.333)
 - 0. Bien desarrollado
 - 1. Pequeño
- 48. *Processus maxillopalatinus*: (CI: 1.000)
 - 0. Totalmente fusionado
 - 1. Parcialmente fusionado
 - 2. No fusionado
- 49. Fosa en el *Processus maxillopalatinus*: (CI: 0.500)
 - 0. Ausente

1. Presente
50. Longitud de la Fosa en el *Processus maxillopalatinus*: (CI: 0.333)
 0. Muy larga
 1. Corta
51. Foramina medial con respecto al *Processus maxillopalatinus*: (CI: 0.500)
 0. Ausente
 1. Presente
52. *Septum nasale osseum* formado por la porción dorsal del *Processus maxillopalatinus*: (CI: 1.000)
 0. Ausente
 1. Presente
53. Contribución del *Processus maxillopalatinus* para el *septum nasale osseum*: (CI: 1.000)
 0. La mitad de los septa
 1. Todos los septa
54. Porción rostral del *Os palatinum*: (CI: 0.333)
 0. Amplia
 1. Delgada
55. *Angulus caudolateralis*: (CI: 0.200)
 0. Discreto
 1. Inconspicuo
56. *Fossa choanalis*: (CI: 0.500)
 0. Profunda
 1. Superficial
57. *Fossa choanalis*: (CI: 0.333)
 0. Delgada
 1. Amplia
58. *Fossa choanalis*: (CI: 1.000)
 0. Corta
 1. Larga
59. *Os palatinum crista ventralis*: (CI: 0.250)
 0. Pequeña
 1. Bien desarrollada
60. Proceso caudomedial del *Os palatinum*: (CI: 1.000)

- 0. Ausente
- 1. Presente
- 61. *Vomer*: (CI: 0.500)
 - 0. Reducido
 - 1. Largo
- 62. *Os pterygoideum*: (CI: 0.500)
 - 0. Largo y Delgado
 - 1. Corto y Amplio
- 63. Fosa en la porción ventral del *Os pterygoideum*: (CI: 0.333)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente

Os quadratum

- 64. *Capitulum oticum* y *Capitulum squamosum*: (CI: 1.000)
 - 0. No fusionados
 - 1. Parcialmente fusionados
 - 2. Totalmente fusionados
- 65. Tubérculo en la superficie lateral del *Processus oticus*: (CI: 0.333)
 - 0. Presente
 - 1. Ausente
- 66. Tubérculo en la superficie lateral del *Processus orbitalis*: (CI: 0.250)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 67. Longitud del *Processus orbitalis*: (CI: 0.333)
 - 0. Corto
 - 1. Largo
- 68. Proceso en la porción caudal del *Os quadratum*: (CI: 1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente

Ossa mandibulae

- 69. Proceso en la porción caudal del *Pars symphysialis*: (CI: 1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente

70. Ángulo mandibular: (CI: 0.500)
 0. Reducido
 1. Discreto
71. Región convexa formada por *Os dentale*: (CI: 1.000)
 0. Ausente
 1. Presente
72. Tubérculo en el ángulo mandibular: (CI: 1.000)
 0. Ausente
 1. Presente
73. Fosa caudolateral en la sínfisis mandibular: (CI: 1.000)
 0. Ausente
 1. Presente
74. *Processus coronoideus*: (CI: 0.500)
 0. Bien desarrollado
 1. Pequeño o vestigial
75. Fosa lateral en la mandíbula: (CI: 0.500)
 0. Ausente
 1. Presente
76. Cresta ventrolateral en el *Processus coronoideus*: (CI: 1.000)
 0. Bien desarrollada
 1. Ausente
77. *Fossa lateralis*: (CI: 1.000)
 0. Cerrada por hueso
 1. Abierta
78. *Tuberculum intercotylare*: (CI: 0.333)
 0. Conspicuo
 1. Vestigial
79. Fosa en la base del *Processus retroarticularis*: (CI: 0.500)
 0. Ausente
 1. Presente
80. Fosa en la cara medial de la mandíbula: (CI: 0.333)
 0. Presente
 1. Ausente
81. *Processus retroarticularis*: (CI: 1.000)

- 0. Conspicuo
- 1. Vestigial
- 2. Bien desarrollado

Columna vertebralis

- 82. Proceso ventral en el *Atlas*: (CI: 1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 83. *Notarium*: (CI: 1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 84. Proceso ventral en la base del *Pygostylus*: (CI: 1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente

Ossa cinguli membri thoracici: Sternum

- 85. Foramina en el ápice craneal: (CI: 0.333)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 86. Foramina pneumática en *pars cardiaca*: (CI:0.500)
 - 0. No insertados en la fossa
 - 1. Insertados en la fossa
- 87. Tubérculo en la base de la *spina interna*: (CI:0.333)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 88. *Pars cardiaca*: (CI:0.500)
 - 0. Amplia
 - 1. Delgada
- 89. *Pars hepatica*: (CI: 1.000)
 - 0. Amplia
 - 1. Delgada
- 90. Foramina en la extremidad craneal del *Sternum*: (CI: 1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente

91. *Labrum internum*: (CI:0.500)
 0. Menos Desarrollado que el labrum externum
 1. Mismo tamaño del labrum externum
92. Trabécula: (CI: 1.000)
 0. Pequeña, Trabécula lateralis y mediana no son evidentes
 1. Bien desarrollado, Trabécula lateralis and mediana
93. *Processus craniolateralis*: (CI:0.500)
 0. Tamaño similar de la Trabécula lateralis
 1. Más pequeña que la Trabécula lateralis
94. *Processus craniolateralis*: (CI:0.500)
 0. Dorsocaudal hacia el labrum internum
 1. Craneal hacia la Carina sterni
95. Fosa en la base del *Processus craniolateralis*: (CI:0.333)
 0. Ausente
 1. Presente
96. Pneumatic foramina en el *Processus craniolateralis*: (CI:0.250)
 0. Ausente
 1. Presente
97. *Fenestra lateralis y medialis*: (CI: 1.000)
 0. Ausente
 1. Presente
98. *Fenestra medialis*: (CI:0.500)
 0. Tamaño similar a la *Fenestra lateralis*
 1. Mayor que la *Fenestra lateralis*
99. Línea muscular en la *Carina sterni*: (CI:0.500)
 0. Presente
 1. Ausente

Clavicula (furcula)

100. *Apophysis furculae*: (CI: 1.000)
 0. Ausente
 1. Presente
101. Tamaño de la *Apophysis furculae*: (CI: 1.000)
 0. Pequeña y laminar

- 1. Bien desarrollada y con un proceso largo
- 102. *Extremitas omalis clavicularae*: (CI: 1.000)
 - 0. Indistintas
 - 1. Bien definidas
- 103. Tubérculo en la superficie lateral de las *Extremitas omalis clavicularae*: (CI:0.500)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 104. Tamaño de los tubérculos en la superficie lateral de *Extremitas omalis clavicularae*: (CI:0.333)
 - 0. Pequeños
 - 1. Grandes
- 105. Foramina pneumática en la *Furcula*: (CI:0.500)
 - 0. Presente
 - 1. Ausente

Scapula

- 106. Proceso en el ápice del *Acromion*: (CI:0.333)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 107. Tubérculo en la superficie lateral del *Acromion*: (CI:0.500)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 108. Fosa entre la superficie articular del *Acromion* y de la superficie articular del *Humerus*: (CI:0.333)
 - 0. Presente
 - 1. Ausente
- 109. Cresta en la superficie cranio lateral de la *Scapula*: (CI:0.500)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 110. Porción caudal de la *Scapula*: (CI:0.500)
 - 0. Redondeada
 - 1. Puntiguda

Coracoideum

- 111. *Fossa impressio musculus sternocoracoidei*: (CI:0.333)
 - 0. Profunda
 - 1. Superficial
- 112. *Cotyla scapularis*: (CI: 1.000)
 - 0. Bien desarrollada
 - 1. Pequeña
- 113. Foramina pneumática en la *fossa impressio musculus sternocoracoidei*: (CI:0.250)
 - 0. Presente
 - 1. Ausente
- 114. Cresta en la *fossa impressio musculus sternocoracoidei*: (CI:0.333)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 115. Tubérculo en la superficie ventral del proceso lateral: (CI:0.500)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente

Ossa alae: Humerus

- 116. *Crista del topectoralis*: (CI:0.500)
 - 0. Bien desarrollado
 - 1. Pequeño
- 117. Excavación en la *crista del topectoralis*: (CI:0.500)
 - 0. Ausente
 - 1. Presente
- 118. Tubérculo en la porción distal de la *crista del topectoralis*: (CI:0.500)
 - 0. Presente
 - 1. Ausente
- 119. *Sulcus ligamentus transversus*: (CI:0.500)
 - 0. Reducido
 - 1. Bien desarrollado
- 120. Fosa dorsal hacia la *fossa pneumotricipitalis*: (CI:1.000)
 - 0. Ausente
 - 1. Pequeño

2. Discreto

Ulna

121. *Papillae remigales* caudales y ventrales: (CI:0.333)
 0. Vestigial
 1. Bien desarrollada
122. *Impressio brachialis*: (CI:0.250)
 0. Reducido
 1. Bien desarrollado
123. *Tuberculum ligamenti collateralis ventralis*: (CI:0.200)
 0. Bien desarrollado
 1. Pequeño o vestigial

Radius

124. *Facies articularis ulnaris*: (CI:0.250)
 0. Desarrollado
 1. Reducido

Ossa carpi: Carpometacarpus

125. *Processus intermetacarpalis*: (CI:1.000)
 0. Reducido o vestigial
 1. Evidente
126. *Os metacarpale minus*: (CI:0.500)
 0. Recto
 1. Retorcido en su porción medial

Ossa cinguli membri pelvici: Pelvis

127. *Fossa iliocaudalis*: (CI:0.500)
 0. Presente
 1. Ausente
128. *Fossa iliocaudalis*: (CI:0.333)
 0. Pequeño
 1. Grande y bien desarrollado
129. Pelvis: (CI:1.000)

- 0. Delgada
 - 1. Amplia
130. *Spina dorsolateralis ilii*: (CI:0.333)
- 0. Forma-de-S
 - 1. Recta con una concavidad rostral
131. Proceso en la porción craneal de la *Crista dorsolateralis ilii*: (CI:0.333)
- 0. Presente
 - 1. Ausente
132. Process 1 en la *Spina dorsolateralis ilii*: (CI:0.333)
- 0. Ausente
 - 1. Presente
133. Process 2 en la *Spina dorsolateralis ilii*: (CI:0.333)
- 0. Presente
 - 1. Ausente
134. Process 1 en la *Spina dorsolateralis ilii*: (CI:0.400)
- 0. Más pequeño que el proceso lateral
 - 1. Mayor que el proceso lateral
 - 2. Tamaño similar al proceso lateral
135. Tubérculo caudoventral hacia la *Crista dorsolateralis ilii*: (CI:0.333)
- 0. Ausente
 - 1. Presente
136. Fossa caudal hacia el *Foramen ilioischadicum*: (CI:0.250)
- 0. Ausente
 - 1. Presente
137. Fossa ventral hacia el *Foramen ilioischadicum*: (CI:1.000)
- 0. Ausente
 - 1. Presente
138. *Tuberculum preacetabulare*: (CI:0.500)
- 0. Reducido
 - 1. Bien desarrollado
139. *Vertebra acetabularis*: (CI:1.000)
- 0. Ausente
 - 1. Presente
140. Fosa en la porción caudoventral de la pelvis: (CI:1.000)

- 0. Ausente
- 1. Presente

Ossa membri pelvici: Femur

- 141. Foramina pneumática en la epífisis proximal: (CI:0.200)
 - 0. Presente
 - 1. Ausente
- 142. *Fossa trochanteris*: (CI:0.500)
 - 0. Bien desarrollada
 - 1. Vestigial
- 143. *Crista trochanteris*: (CI:0.500)
 - 0. Desarrollada
 - 1. Pequeña
- 144. *Fossa poplitea*: (CI:0.333)
 - 0. Profunda
 - 1. Superficial

Ossa metatarsalia

- 145. *Sulcus ligamentosus*: (CI:1.000)
 - 0. Divide al tarsometatarsuo del hipotarso
 - 1. No divide al tarsometatarso del hipotarso
- 146. *Hypotarsal sulci*: (CI:1.000)
 - 0. Superficial
 - 1. Profunda
- 147. Número de crestas en el hypotarso: (CI:1.000)
 - 0. Tres
 - 1. Dos
 - 2. Cuatro
- 148. Crestas el el hypotarso: (CI:0.500)
 - 0. Osificados sólo en la porción proximal
 - 1. Bien desarrolladas alcanzando el centro de la porción diaphyseal
- 149. Espuelas: (CI:0.500)
 - 0. Ausentes
 - 1. Presentes

150. Número de espuelas: (CI:1.000)
- 0. Uno
 - 1. Dos
151. Procesos en los hypotarsos: (CI:1.000)
- 0. Ausentes
 - 1. Presentes

MATRIZ

Chauna torquata 000-00-
 000-0000-00-
 00-00

Dendrocygna bicolor 0000010011000000110011000001100000010?0000001000-00-
 010000000000100010000100010000000000010-1000-00-
 000100000101000011001010000021000000100111000200-00

Anseranas semipalmata 00010000000000000000100000110000001000000001000-
 00-000100000000000010000100010000000000010-0000-00-
 000000000000000001010000000001000000000111000000-00

Alectura lathamii 20001-01-----00100011000001110000100000010120-00-
 00100001100000000000000000000111001101010000100100001101001110011100101000001101110000
 00100110000-10

Leipoa ocellata 20001001010001???00101010000001000110100000010120-00-
 1010000110000100000000000000011?001101010000100100001101001110010100001000001111110000
 00100110000-10

Macrocephalum maleo
 2000101101000000000100010000000010000100100010021000-
 11100101100001000000000000001110011010100001001000011010011100101001010001-
 111111000000100110000-10

Eulipoa wallacei 2000101100000000000101011000001010010100000010120-00-
 101000011000010000000000000011100110101000010010000110101110110100110000001101110000
 00100111000-11

Megapodius freycineti 2000101100000000000101011000001010010100000010120-00-
 1010000110000100000000000000111001101010001100100001101001110110100110000001101110000
 00100111000-11

Ortalis vetula 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
 1111100110001111100001100010010101101111000100101101011010101001110000101001211001000
 10111000000-10

Ortalis cinereiceps 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
 11111001110011111000011000100101011011110001001011010010101001110000101001211001000
 10111000000-10

Ortalis garrula 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
 11111001100011111000011000100101011011110001001011010010101001110000101001211001000
 10111000000-10

Ortalis ruficauda 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
 11111001100011111000011000100101011011110001001011010010101001110000101001211001000
 10111000000-10

Ortalis canicollis 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
11111001100011111000011000100101011011110001001011010010101001110000101001211001000
10111000000-10

Ortalis guttata 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
11111001100011111000011000100101011011110001001011010010101001110000101001211001000
10111000000-10

Ortalis motmot 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
11111001100011111000011000100101011011110001001011010010101001110000101001211001000
10111000000-10

Ortalis superciliaris 0000111010000010011011000001011000010011010010021100-
11111001100011111000011000100101011011110001001011010010101001110000101001211001000
10111000000-10

Penelope argyrotis 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope barbata 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope montagnii 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope marail 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope superciliaris 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope purpurascens
0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope albipennis 0000111010010021011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011100
10011000000-10

Penelope jacquacu 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011100
10011000000-10

Penelope obscura 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope pileata 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope ochrogaster 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Penelope jacucaca 0000111010010020011011000001010000010011010010021100-
11011001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110000101001211011000
10011000000-10

Pipile pipile 0000111010100010011011001101110000010011010010021100-
11001001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110010101001211011000
10011000000-10

Pipile cumanensis 0000111010100010011011001101110000010011010010021100-
11001001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110010101001211011000
10011000000-10

Pipile grayi 0000111010100010011011001101110000010011010010021100-
11001001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110010101001211011000
10011000000-10

Pipile cunjubi 0000111010100010011011001101110000010011010010021100-
11001001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110010101001211011000
10011000000-10

Pipile jacutinga 0000111010100010011011001101110000010011010010021100-
11001001100011111000011000100101011011110111001011110010101001110010101001211011000
10011000000-10

Aburria aburri 0000111010100010011011001101110000010011010010021100-
1100100110001111100001100010010101101111011100101111001110101001110010101001211011000
10011000000-10

Chamaepetes unicolor
0000111010000010011011000001011001010011010010021110-
11111001100011111000111000100101011011110111001011010010101001110001101001211001000
10011000000-10

Chamaepetes goudotii 0000111010000010011011000001011001010011010010021100-
11111001100011111000111000100101011011110111001011010110101001110001101001211001100
10011000000-10

Penelopina nigra 0000111010000021011011000001110100010011010010021000-
110111011000111110000110101001010011110111001011110010101001110000001001211011000
10011000000-10

Oreophasis derbianus 0102111010000010011011000001111000010011010010021010-
1101110110001111100001101010010111101111011100101111001100101001110001001011111021100
10111000000-10

Nothocrax urumutum
0000111010000000011010000001111000110011010010021100-
0101110110001111100001100110010111101111011100111101001000101001110010101001011011000
10111000000-10

Mitu tomentosa
0110111010010000011010000001111010010011010011011101100011001100011111000011000100101
1110111101110011110100100010100111001000100101101100010111000000-10

Mitu salvini
???0?1?????0??110?????????????0??101011?????????????0??1??0??????001011110111
101110011110100100010100111001000100101101100010111000000-10

Mitu tuberosa
0110111010010000011010000001111010010011010111011101100011001100011111000011000100101
1110111101110011110100100010100111001000100101101100010111000000-10

Pauxi pauxi
0110111010010000011010001001110010110011010211011101100011001110011111000011000100101
1110111101110011110100100010100111001000100101101100010111000000-10

Crax rubra
0110111010000000011010000001111001010011010010021001001011001100011111000011000100101
111011110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Crax alberti
0110111010000000011010000001111001010011010010021001001011001100011111100011000100101
111011110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Crax daubentoni

0110111010000000110100000011100101001101001002100100101100110001111100011000100101
11101110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Crax alector

01101110100000001101000000111001010011010010021001000011001100011111000011000100101
11101110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Crax globulosa

0110111010000000110100000011100101001101001002100100101100110001111100011000100101
11101110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Crax estudilloi

01101110100000001101000000111001010011010010021001001011001100011111000011000100101
11101110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Crax fasciolata

01101110100000001101000000111001010011010010021001001011001100011111000011000100101
11101110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Crax blumenbachii

01101110100000001101000000111001010011010010021001001011001100011111000011000100101
11101110111001111100100010100111001010100101101100010111000000-10

Meleagris gallopavo

0000111011001010111000000001011000000111010010120-00-
11010100102001000000111010100100001011111001001010010010011011101010000100011101-
000000100100011010

Tetrao urogallus

0000111020000010011000000000011010000111010010120-00-
1101010010101100001001111012010000101110111111010010000011011101010000101112101-
000001000000010-10

Bonasa umbellus

0000111021000010111010000000011010000111010010120-00-
1101010010110100001001111010010000101110111111010010000011011101010000101112101-
000001000000010-10

Colinus virginianus

10001011110011---11000000001011010010112011010120-00-
1101010000210000000101101001010000111111100111101101000001110110102001010001211111110
00100100100-10

Colinus cristatus

10001011110011---11000000001011010010112011010120-00-
1101010000210000000101101001010000111111100111101101000001110110102001010001211111110
00100100100-10

Odontophorus capueira

10001011110011---11000000011011010010112011010120-00-
1101010000210000000101101001010000111111100111101101000001110110102000010001211111110
00100100100-10

Odontophorus columbianus

10001011110011---11000000011011010010112011010120-
00-
1101010000210000000101101001010000111111100111101101000001110110102000010001211111110
00100100100-10

Lophophorus impeyanus

0000111010000000111000000001011010010111010010120-
00-
110101001121010000000110101001000010111111110101001101001101110101100011011111021001
00100000011010

Gallus sonnerati

0000111010000000111000000001011010010111010010120-00-
110101001021010000000110101001000110111111110101001101001101110101100011011111021001
00100000011010

Gallus varius

0000111010000000111000000001011010010111010010120-00-
110101001021010000000110101001000110111111110101001101001101110101100011011111021001
00100000011010

Lophura ignita 0000111010000000111000000001011010010101010010120-00-
110101001021010000000110101001000110111111110101001101001101110101100011011111021001
00000000011010

Crossoptilon crossoptilon 0000111010000000111000000001011010010111010010120-00-
110101001021010000000110101001000110111111110101001101001101110101100011011111021001
00000000011010

Polyplectrum inopinatum 0000111010000000111000000001011010010111010010120-
00-
110101001021010000000110101001000110111111110101001101001101110101100011011111021001
00100000011010

Polyplectrum bicalcaratum 0000111010000000111010000001011010010111010010120-
00-
110101001021010000000110101001000110111111110101001101001101110101100011011111021001
00100000011110

Rheinardia ocellata 0000111010000000111000000001011010010111010010120-00-
110101001021010000000110101001010110111111110101001101001101110101100011011111021001
00100000011010

Argusianus argus 0000111010000000111000000001011010010111010010120-00-
110101001021010000000110101001010110111111110101001101001101110101100011011111021001
00100000011010

Numida meleagris 0111111010000010111000101001010010010100110010120-00-
1101011?1010110000000110100001010110111011110101001101001110110101000000011101020000
00100100000-10

Acryllium vulturinum 0000111010000010111000101001010010010100010010120-00-
1101011?1010110000000110100001010110111011110101001101001110110101000000011101020000
00100100000-10

APÉNDICE 3: CARACTERES INTEGUMENTARIOS Y CONDUCTUALES

Lista de caracteres

Integumentarios

1. Cresta: (CI: 0.143)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
2. Forma de la cresta: (CI: 0.500)
 - 0: rizada
 - 1: lacia
3. Tamaño relativo de la cresta: (CI: 0.143)
 - 0: chica
 - 1: grande
4. Cera: (CI: 0.500)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
5. Casco frontal: : (CI: 1.000)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
6. Estructuras óseas en la cabeza: (CI: 0.500)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
7. Áreas desnudas en la cara: (CI: 0.67)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
8. Tamaño áreas desnudas en la cara: (CI: 0.167)
 - 0: pequeña
 - 1: notoria
9. Pico ornamentos: (CI: 0.500)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
10. Tipo ornamentos en el pico: (CI: 0.333)
 - 0: carúncula, barbilla o ambas
 - 1: cerdas

11. Plumas en la base del pico: (CI: 0.333)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
12. Color del pico: (CI: 0.143)
 - 0: color uniforme
 - 1: bicolor
13. Base del pico: (CI: 0.333)
 - 0: robusto
 - 1: fino
14. Forma del pico: (CI: 1.000)
 - 0: decurvado
 - 1: recto
15. Dimorfismo en color de los ojos: (CI: 0.333)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
16. Cambio de color de ojos al madurar en hembras: (CI: 0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
17. Color de ojos: (CI: 0.286)
 - 0: oscuros
 - 1: claros
 2. nacarados
18. Papada: (CI: 0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
19. Forma de la papada: (CI: 0.333)
 - 0: típica
 - 1: corbata
20. Zona desnuda en el cuello: (CI: 0.333)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
21. Tamaño de la papada: (CI: 0.333)
 - 0: corta
 - 1: larga

22. Color de la papada: (CI: 0.500)
- 0: uniforme
 - 1: bicolor
23. Plumón en la papada: (CI: 0.333)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
24. Modificación traqueal: (CI: 0.333)
- 0: ausencia
 - 1: solo en machos
 - 2: en ambos sexos
25. Tráquea modificada II: (CI: 0.333)
- 0: en machos
 - 1: en ambos sexos
26. Volumen del cuerpo: (CI: 0.333)
- 0: delgado
 - 1: grueso
27. Tamaño del cuerpo: (CI:0.200)
- 0: mediano
 - 1: grande
28. Tamaño relativo de la pelvis: (CI: 1.000)
- 0: mas larga
 - 1: menos larga
29. Molleja: (CI: 1.000)
- 0: musculosa delgada
 - 1: musculosa gruesa
30. Patas color: (CI:0.200)
- 0: palidas
 - 1: notorias
31. Tarsos cubiertos de plumas: (CI: 1.000)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
32. Cobertura plumas tarsos 2: (CI:0.250)
- 0: escasa
 - 1: mediana

- 2: abundante
- 33. Tarsos y dedos: (CI: 0.333)
 - 0: grandes
 - 1: moderados
- 34. Tamaño dedos (comparado con tamaño total): (CI: 0.500)
 - 0: medianos
 - 1: largos
- 35. Color plumas del vientre de los machos: (CI:0.200)
 - 0: claros
 - 1: oscuros
 - 2: llamativo
- 36. Color plumas del pecho: (CI:0.222)
 - 0: uniforme
 - 1: mixto
 - 2: blanco jaspeado
- 37. Plumas primarias modificadas: (CI: 1.000)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
 - 2: en forma de hoz
- 38. Crías de color muy oscuro: (CI:0.167)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 39. Bya en la cola: (CI:0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 40. Periodos de incubación: (CI:0.667)
 - 0: hasta 28 días
 - 1: hasta 34 días
 - 2: muy largos
- 41. Color del lomo: (CI:0.143)
 - 0: uniforme
 - 1: mixto
- 42. Textura del cascaron: (CI: 0.500)
 - 0: liso

- 1: rugoso
- 43. Regurgitacion: (CI: 0.500)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 44. Patrón de alas en machos o hembras sin dimorfismo: (CI: 0.250)
 - 0: uniforme
 - 1: no uniforme
- 45. Longitud relativa de la cola: (CI:0.200)
 - 0: menor
 - 1: mayor

- 46. Longitud relativa de las alas: (CI: 0.333)
 - 0: menor
 - 1: mayor

Conductuales

- 47. Vocalizaciones silbidos: (CI: 0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 48. Vocalizaciones silbidos I: (CI: 0.333)
 - 0: cortos
 - 1: largos
- 49. Vocalizaciones gritos: (CI: 0.500)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 50. Vocalizaciones gritos I: (CI: 0.500)
 - 0: de baja intensidad
 - 1: fuertes
- 51. Vocalizaciones bramidos: (CI: 0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 52. Vocalizaciones no perceptibles: (CI: 0.333)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 53. Vocalizaciones nocturnas: (CI: 0.250)

- 0: ausencia
- 1: presencia
- 54. Vocalizaciones gritos en coro: (CI: 0.333)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 55. Vocalizaciones cacareo: (CI: 0.500)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 56. Vocalizaciones especializadas: (CI: 0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 57. Cortejo en el suelo: (CI: 0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 58. Cortejo en vuelo: (CI: 0.333)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 59. Cortejo en vuelo I: (CI: 1.000)
 - 0: tamborileo
 - 1: latigazo
- 60. Gregarios: (CI: 0.250)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 61. Plumas especializadas para cortejo: (CI: 1.000)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 62. Coloración susceptible a cambios ambientales: (CI: 0.143)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 63. Variación de peso/tamaño según distribución: (CI: 0.167)
 - 0: ausencia
 - 1: presencia
- 64. Área de distribución: (CI: 0.111)
 - 0: puntual

- 1: mediana
 - 2: amplia
65. Permanencia de crías con padres: (CI: 0.250)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
66. Número de huevos por nidada: (CI: 0.500)
- 0: dos
 - 1: mas de dos
 - 2: muchos
67. Nidos arboreos: (CI: 1.000)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
68. Monogamia: (CI: 0.333)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
69. Dimorfismo sexual en coloración: (CI: 0.200)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
70. Alopatria intragenérica: (CI: 0.500)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
71. Omnívoria: (CI: 0.500)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
72. Longevidad: (CI: 1.000)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
73. Movimientos espásticos de la cabeza: (CI: 1.000)
- 0: ausencia
 - 1: presencia
74. Madurez sexual: (CI: 1.000)
- 0: temprana
 - 1: tardia
75. Huevo gnye en proporción al tamaño cuerpo: (CI: 1.000)

0: ausencia

1: presencia

76. Eyección del pene: (CI: 1.000)

0: ausencia

1: presencia

77. Vuelo: (CI: 0.333)

0: menor

1: mayor

78. Madurez sexual de machos: (CI: 1.000)

0: temprana

1: tardía

MATRIZ

Oreophasis derbianus

0--0010-0-10000110-0-110001001120011001011011111011000110-0000101011011111101

Crax alector

101100100-10000110-00-00011010110100000010011101111000010-00001210110111111101

Crax fasciolata

101100101010000010-00-00011010110100001010011101111000010-0100121011111111101

Crax globulosa

101100101010001110-0--00011010110100000010011111101100010-0000111011111111101

Crax blumenbachii

101100101010001110-0--00011010110100000010011101111000010-0000101011111111101

Crax daubentoni

101100101010001110-00-00011010110100001010011111101100010-0110111011111111101

Crax estudilloi

10110010101000-010-0--00011010110100000010011101111100010-000010101111111101

Crax alberti

101100101010000010-00-00011010110100001010011101111000010-0000101011111111101

Crax rubra

101100101010000010-00-00011010110100000010011101110000010-0110121011111111101

Pauxi gilliardi

0--0100-0010000010-0--01111010110110001010011101111100010-0100101011011111101

Pauxi pauxi

0--0100-0010000010-0--01111010110110001010011101111100010-0000101011011111101

Mitu tuberosa

1110100-0010000010-0--01111010110110001010011101111100010-0000121011011111101

Pauxi unicornis

0--0100-0010000010-0--01111010110110001010011101111100010-0000101011011111101
Mitu salvini
1110100-0010000010-0--01111010110110001010011101111100010-0000101011011111101
Mitu mitu
1110100-00110000-0-0--01111010110110001010011101111100010-0000101011011111101
Mitu tomentosa
0--0000-0-10001010-0--01111010110110001010011101111100010-0000121011011111101
Nothocrax urumutun
101000110-10000010-0--011100101100110010101010-1101100110-0000021011011111101
Ortalis guttata
110000100-01110000-0-1121001001110010000111000-1100011010-0111020111011111100
Ortalis pantanalensis
111000100-001100?0-0-1121001001110000000111000-1100011010-0111010111011111100
Ortalis garrula
110000100-00110000-0-1121001001110010011111000-1100011010-0001000111011111100
Ortalis ruficauda
110000?0-00110000-0-1121001001110010011111000-1100011010-0111010111011111100
Ortalis cannicolis
110000100-00110000-0-1121001001110010001111000-1100011010-0111020111011111100
Ortalis poliocephala
111000100-00110000-0-1121001001110000011111000-1100011010-0111020111011111100
Ortalis leucogastra
110000100-01110000-0-1121001001110010011111000-1100011010-0001000111011111100
Ortalis vetula
110000100-00110010-0-1121001001110110011111000-1100011010-0111010111011111100
Ortalis motmot
110000100-01110000-0-1121001011110000001111000-1100011010-0111010111011111100
Ortalis wagleri
111000100-00110000-0-1121001001110110001111000-1100011010-0001010111011111100
Ortalis cinereiceps
110000100-00110010-0-112100100111001001111100101100001010-0001000111011111100
Ortalis erythroptera
110000100-01110000-0-1121001001110010011111000-1100011010-0001000111011111100
Ortalis superciliaris
110000100-001100?0-0-1121001001110000001111000-1100011010-0001010111011111100
Penelopina nigra
1100000-0-1011001102011000010112101001001110111110100001100100001011111111101
Pipile cumanensis
111000110-01110011110110000100111011200011101100-01000101010010010110111111111
Pipile grayi

111000110-01110011110110000100111010200011101100-01000101010010210110111111111
Pipile cujubi

111000110-01110011021110000100111010200011101100-010001010100101101101111111111
Pipile nattereri

111000110-01110011021110000100111011200011101100-010001010100101101101111111111
Aburria aburri

1100000?0-01110011121010000100121010210011101110-01100001000000110110111111111111
Pipile pipile

111000110-01110011020110000100111010200011101100-01000101010010010110111111111111
Pipile jacutinga

111000100-01110011021110000100111011200011101100-01000101010010010110111111111111
Chamaepetes unicolor

110000100-01110000-0--000001001210102100110010-0-0100010111000001011011111111101
Chamaepetes goudotii

110000110-01110000-0--000001001210112001111010-0-0100010111100021011011111111101
Penelope jacuacu

111000110-001110010201122011001000111001011010-110100100100110021011011111111101
Penelope purpurascens

111000110-001110110201100011001000111001011110-110100100100110021011011111111101
Penelope albipennis

111000010-011110110201100011001000111001011110-110100100100110021011011111111101
Penelope montagnii

111000100-011110010101122001011210011001011010-110100100100110021011011111111101
Penelope perspicax

111000100-001100010201122011001000111001011110-110100100100000001011011111111101
Penelope ortonii

110000100-001100010201122001001010111001011110-110100100100000001011011111111101
Penelope marail

111000100-001100110201122001001010111001011010-110100100100000001011011111111101
Penelope ochrogaster

111000110-001111010201122011001010111001011110-110100100100000001011011111111101
Penelope pileata

111000110-001111010201122011001010111001011110-110100100100000001011011111111101
Penelope dabbenei

111000100-001110010201122001001010111001011110-110100100100000001011011111111101
Penelope jacucaca

111000110-001111010201122011001010111001011110-110100100100000001011011111111101
Penelope superciliaris

110000110-001111010201122001001010111001011010-110100100100100011011011111111101
Penelope obscura

111000110-001110010201122011001210111001011010-1101001001001100110110111111101

Penelope argyrotis

111000100-001100010201122001011010111010011010-1101001001000000110110111111101

Penelope barbata

111000100-001100010201122001001210111000011010-1101001001000000010110111111101

Numida meleagris

0--101111100100001-10010010??011101101011?1000-111?000?10?0001021?01001-0-001?

Rheinardia ocellata

111000100-00000000-0--00000?101110110001??1100-1100000100?00010000001-1-000011

Tetrao urogallus

0--000100-10000000-0--00111?1012001001010011010111??01111000010101101000000011

Alectura lathami

0--000110-00100010-0--000110?00-01010001?10000-0-00000000?001220200001000000?

Megapodius reiwardt

111000100-001000?0-0--000000?10-01000100?11000-0?00?10000????12102010010000-1?

Anhima cornuta

0--0000-0-000000?0-0--000110?00-01000001111010-1100?1?010??00022?10-000000001?

Chauna torquata

1100000-0-01000000-0--000110?00-01000000111010-1100?1?01??000201101010000001?