



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES IZTACALA

**Estudio prospectivo del código de barras
genético de las especies arbóreas de la
Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas,
Veracruz, México**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE

BIÓLOGO

P R E S E N T A

KAREN BEATRIZ HERNÁNDEZ ESQUIVEL

DIRECTOR DE TESIS: DR. GERARDO ADOLFO SALAZAR CHÁVEZ



Los Reyes Iztacala, Estado de México 2012

DEDICATORIA

A mi madre Beatriz Esquivel

Por ese amor infinito

A mi padre Raymundo Hernández

Por tu gran cariño

A mis hermanas Blanca y Lindsay

Por ser un ejemplo a seguir

A mis sobrinas Ximena y Sofía

Porque son un pedacito de gran felicidad

A mis grandes amigos

Por los buenos momentos

A todas las personas que me han apoyado para salir adelante

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Nacional Autónoma de México y a la Facultad de Estudios Superiores Iztacala por brindarme tantos años de excelente formación académica.

Al Instituto de Biología de la UNAM por permitirme ocupar sus espacios para la realización de esta tesis y por abrirme las puertas a nuevos conocimientos.

Al CONACYT por la beca de tesis de licenciatura otorgada a través de los fondos de la Red Nacional del Código de Barras de la Vida en México (MexBOL).

A la UNAM por la beca de titulación para exalumnos de alto rendimiento que me otorgó en 2011.

Al Dr. Gerardo Salazar por estos años de otorgarme sus conocimientos, por su tiempo dedicado en la realización del proyecto y por contribuir en mi formación profesional de una forma positiva.

A la Dra. Lidia Cabrera por su gran disposición y apoyo en todo momento para la realización del proyecto. Gracias por tu tiempo y tu amistad.

Al Dr. Martin Ricker por su colaboración en esta investigación, por su contribución con muestras y bases de datos y por el financiamiento para la secuenciación.

A los Doctores Rosamond Coates, Guillermo Ibarra Manríquez y Alvaro Campos Villanueva, por su disposición para integrarse al proyecto, por las colectas proporcionadas, las identificaciones y las bases de datos.

Al comité revisor integrado por los Doctores Patricia Dávila, Oswaldo Telléz, Rafael Lira y Sofía Solorzano. Gracias a todos por sus observaciones y sus comentarios que fueron de gran aportación para esta tesis.

A la M. en C. Coyolxauhqui Figueroa por sus valiosos comentarios para la tesis.

A la Lic. Lindsay Hernández Esquivel por aportar sus observaciones a la tesis.

A mis compañeros del Instituto: Liliana Cervantes, Sergio Díaz, Alejandro Torres, Paty Rosas, Daniel Hernández, Sergio Hernández, Lucía Ortega, Miguel Castañeda y Claudia Gutiérrez que me ayudaron con ideas, comentarios, pláticas y discusiones, y que además hicieron los días más amenos, gracias por el tiempo compartido.

A aquellos que no solo me ayudaron en la tesis, sino que se convirtieron en parte de mis mejores amigos, Coyolxauhqui Figueroa y Victor Trejo, gracias por compartir tantos buenos momentos, risas y mil cosas más.

A mis grandiosas amigas con las que compartí la carrera, las aventuras, las historias, las alegrías y también las tristezas, gracias Magui Aguirre, Sonia Martínez y Carme Tlacomulco, las quiero mucho. A Gera por escucharme tantas veces. A Aaron Guzmán por tus palabras para darme ánimos y tus consejos para la titulación.

Al M. en C. Alejandro Cristín, por ser mi guía durante la carrera, por motivarme para que fuera más allá.

A Bety, Ray, Blanca, Lin, Gelina, Genaro y Eugenio sin su apoyo todo esto no hubiera sido posible.

A todos los que compartieron buenas cosas y que faltó mencionar.

Este trabajo fue presentado en la 4th International Barcode of life Conference en Adelaida, Australia en 2011 y se agradece al CONACYT por la beca para los viáticos otorgada a través de los fondos de la Red MexBOL.

ÍNDICE

RESUMEN.....	1
ABSTRACT.....	2
INTRODUCCIÓN.....	3
El código de barras genético.....	4
El código de barras genético en plantas.....	6
Antecedentes de estudios del código de barras genético en plantas tropicales....	8
La Región de Los Tuxtlas, Veracruz y la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas.....	9
JUSTIFICACIÓN.....	12
HIPÓTESIS.....	12
OBJETIVOS.....	12
Objetivo general.....	12
Objetivos particulares.....	12
MATERIALES Y MÉTODOS.....	13
Muestra taxonómica.....	13
Muestreo de los ejemplares.....	13
Procesamiento de las muestras.....	14
Extracción y purificación de ADN.....	14
Amplificación y secuenciación.....	15
Edición y alineamiento.....	16
Envío de muestras.....	16
Análisis de datos.....	19
Factibilidad técnica de obtener códigos de barras de ADN a partir de muestras de herbario y secadas en gel de sílice.....	19
Discriminación taxonómica.....	20
A) Asignación taxonómica con BLAST.....	20
B) Análisis de distancia genética.....	20
C) Búsqueda de caracteres diagnósticos.....	22
RESULTADOS.....	24

Factibilidad técnica de obtener códigos de barras de ADN a partir de muestras de herbario y secadas en gel de sílice	24
Discriminación taxonómica.....	27
Asignación taxonómica con BLAST.....	27
Análisis de distancia genética.....	27
Búsqueda de caracteres diagnósticos.....	42
DISCUSIÓN.....	44
Factibilidad técnica de obtener códigos de barras de ADN.....	44
Discriminación taxonómica.....	45
CONCLUSIONES.....	51
APÉNDICE A: Listado de los ejemplares utilizados en el presente estudio.....	52
APÉNDICE B: Ejemplos de especies de árboles utilizadas en el presente estudio.....	66
APÉNDICE C: Distancias genéticas.....	69
BIBLIOGRAFÍA.....	78

ÍNDICE DE FIGURAS

1. “Representación esquemática del “barcoding gap”	6
2. Mapa de la Región de Los Tuxtlas.....	11
3. Ventanas de metadatos del portal BOLD asociados al código de barras de ADN de un individuo	17
4. Ejemplos de los criterios para evaluar el árbol de distancia “neighbor-joining” por el método “Identificación basada en árbol, criterio revisado”.....	21
5. Ejemplo de evaluación de la amplificación en gel de agarosa.....	24
6. Diagrama de dispersión de la relación entre la edad del espécimen (años) y de la longitud secuencia (pb) para los dos marcadores por separado (<i>rbcL</i> y <i>matK</i>).....	26
7. Árbol de distancia de “neighbor-joining” de 167 especies arbóreas de la EBTLT analizadas usando el marcador molecular <i>rbcL</i>	29
8. Árbol de distancia de “neighbor-joining” de 126 especies arbóreas de la EBTLT analizadas usando el marcador molecular <i>matK</i>	32
9. Árbol de distancia de “neighbor-joining” de 124 especies arbóreas de la EBTLT analizadas usando los marcadores moleculares <i>rbcL</i> y <i>matK</i>	35
10. Histogramas indicando la frecuencia de las distancias genéticas (%) intraespecíficas e interespecíficas, del análisis 2-parámetros de Kimura (K2P) para <i>rbcL</i> , <i>matK</i> y combinado (<i>rbcL+matK</i>).....	40
11. Histograma indicando la frecuencia de las distancias genéticas (%) intraespecíficas e interespecíficas, del análisis 2-parámetros de Kimura (K2P) (<i>rbcL+matK</i>).....	41

ÍNDICE DE TABLAS

1. Primers empleados en el presente estudio.....	15
2. Éxito de amplificación y secuenciación para las muestras usadas en este estudio....	25
3. Prueba t de student para evaluar diferencias en el porcentaje de amplificación y secuenciación entre <i>rbcL</i> y <i>matK</i>	25
4. Prueba t de student para evaluar diferencias en el porcentaje de amplificación entre muestras de herbario y gel de sílice.....	26
5. Prueba t de student para evaluar diferencias en el porcentaje de secuenciación entre muestras de herbario y gel de sílice.....	26
6. Calidad del electroferograma.....	27
7. Calidad de las secuencias.....	27
8. Capacidad de discriminación de especies de los marcadores moleculares usados basada en el método “Identificación con árbol, criterio revisado”.....	28
9. Especies diferenciadas por tener una distancia genética arriba del umbral de su vecino más cercano.....	38
10. Porcentaje de géneros y familias que fueron discriminadas correctamente.....	39
11. Variación de las secuencias (2-parámetros de Kimura) para los árboles de la EBTLT.....	41
12. Análisis de carácter por carácter para algunas especies de árboles de la EBTLT realizado a partir de una matriz alineada con los marcadores <i>rbcL</i> y <i>matK</i> en combinación.....	43

RESUMEN

Los códigos de barras de ADN son secuencias cortas y estandarizadas que ayudan a la identificación rápida de especies. Recientemente, porciones de los genes *rbcL* y *matK* del genoma de cloroplasto fueron propuestas como código de barras estándar para identificar a las plantas terrestres. En este trabajo se investigó la factibilidad de obtener códigos de barras de ADN de estas dos porciones a partir de ejemplares de herbario y de muestras de material fresco secadas en gel de sílice de especies arbóreas de la selva alta perennifolia de la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas y sus inmediaciones. Los objetivos fueron: 1) evaluar la factibilidad técnica de generar secuencias de ADN de buena calidad a partir de material extraído de ejemplares de herbario; y 2) evaluar la capacidad de discriminación de esta herramienta nivel de familia, género y especie. En total, se analizaron 292 muestras que representaron 177 especies, 123 géneros y 52 familias de angiospermas. Los resultados mostraron que *rbcL* es más fácil de amplificar y secuenciar que *matK*; la tasa total de éxito en la secuenciación para *rbcL* y *matK* fue de 89% y 65%, respectivamente. Se obtuvieron códigos de barras completos (*rbcL+matK*) para el 64% de las muestras analizadas. Las asignaciones al taxón correcto usando BLAST fueron del 98%, 66% y 6% para los niveles de familia, género y especie, respectivamente. La tasa baja de éxito en la asignación de especies, en muchos casos, podría ser explicada por la ausencia de secuencias de las especies correspondientes en la base de datos de GenBank. Por otro lado, el análisis de distancia genética permitió discriminar correctamente el 40% de las especies. Al momento de realizar los análisis de distancia genética, la falta de muestras duplicadas por especie fue un factor limitante para obtener una alta discriminación. Sin embargo, en la mayoría de los casos las distancias interespecíficas fueron mayores que las intraespecíficas, excepto en casos de géneros problemáticos cuyas especies no pudieron ser discriminadas; como son *Inga* (Fabaceae) y *Nectandra* (Lauraceae). En este trabajo se demostró que los especímenes de herbario pueden ser un recurso útil de material para generar códigos de barras de ADN y pueden ser especialmente útiles en casos donde es difícil tener acceso a material fresco recién colectado, por ejemplo especies raras o provenientes de áreas de difícil acceso.

Palabras clave: código de barras genético, *rbcL*, *matK*, discriminación, especies arbóreas, Los Tuxtlas

ABSTRACT

DNA barcodes are short, standardized sequences that help in the quick identification of species. Recently segments from the plastid genes *rbcL* and *matK* were proposed as standard DNA barcodes for land plants. In this work I investigated the factibility of obtaining DNA barcodes from herbarium specimens and silica-gel dried samples of tree species from the Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas and its surroundings in Veracruz, Mexico. The objectives were: 1) to test the technical feasibility to generate good quality sequences of DNA extracted from herbarium specimens; and 2) to test the discrimination power of this tool at the family, genus and species level. Two hundred and ninety two samples representing: 177 species, 123 genera and 52 angiosperm families were analyzed. My results show that *rbcL* is easier to amplify and sequence than *matK*; the overall rate of sequencing success for *rbcL* and *matK* were 89% and 65%, respectively. Complete barcodes (*rbcL* and *matK*) could only be obtained for 64% of the samples analyzed. Assignment to the correct taxon using BLAST was 98%, 66% and 6% for the family, genus and species levels, respectively, including only those samples for which the two markers were coincident. The low rate of successful species match in many instances could be explained by the absence of sequences of the corresponding species in the GenBank database. In the other hand, with the genetic distance analysis it was possible to discriminate correctly 40% of species. At the time of performing the analyses, the absence of duplicate samples of species was a limiting factor to obtain high discrimination. Nevertheless, interspecific distances in most cases were higher than intraspecific distances, however in some problematic genera the species could not be discriminated, e.g. *Inga* (Fabaceae) and *Nectandra* (Lauraceae). In summary, we show that the herbarium specimens might be a useful source of material to generate plant DNA barcodes and could be especially useful in cases where it is difficult to have access to freshly collected material, e.g. for rare species or areas of difficult access.

Key words: DNA barcoding, *rbcL*, *matK*, discrimination, tree species, Los Tuxtlas.

INTRODUCCIÓN

En la identificación taxonómica de una especie biológica de forma “tradicional”, generalmente las herramientas de apoyo son las claves dicotómicas, las cuales son elaboradas por taxónomos expertos y se basan principalmente en la distinción de características morfológicas. Por tanto, resulta esencial que el ejemplar a identificar presente una serie de atributos estructurales que permitan determinar la especie correspondiente. Por ejemplo, en el caso de las angiospermas se requieren ejemplares fértiles (con flores y frutos) para tener certeza de la especie que se está identificando, pues las claves utilizan estructuras de estos órganos principalmente.

Esta tarea tiene varias limitaciones importantes. Primero, la plasticidad fenotípica de los caracteres empleados puede guiar a identificaciones incorrectas. Segundo, dado que las claves morfológicas son frecuentemente efectivas sólo para un estado de vida particular (p. ej. individuos en floración para el caso de las plantas) o género (p. ej. machos adultos en el caso de muchas especies animales), los ejemplares inmaduros o del género alternativo no pueden ser identificados. Finalmente, el uso de las claves generalmente demanda tan alto nivel de conocimientos sobre la morfología del grupo biológico en cuestión que los errores de identificación son comunes (Hebert *et al.*, 2003).

Existe la necesidad de conocer la identidad de un determinado organismo o fragmentos de organismos (p. ej. semillas, madera, pieles) para diversos fines como la documentación de la biodiversidad de un área o para variadas aplicaciones por parte de las dependencias gubernamentales y de las empresas (Newmaster *et al.*, 2009). Ejemplo de estas necesidades son la distinción de las especies registradas en la Convención sobre el Comercio Internacional de Especies Amenazadas de Flora y Fauna Silvestres (CITES) y la detección de plagas en los embarques programados para el movimiento transfronterizo (Ivanova *et al.*, 2009). En el caso de las plantas la identificación taxonómica es importante en muchos ámbitos. Por ejemplo, los biólogos de la conservación necesitan conocer la identidad de todas las plantas en un ecosistema para evaluar sus patrones de diversidad y planear y administrar áreas de conservación. Los oficiales de control de fronteras necesitan conocer la identidad de materiales de plantas (por ejemplo, semillas) que entran en un país para determinar si se trata de malezas potenciales, especies invasoras o especies de tráfico ilegal. Los administradores de ecosistemas forestales deben ser capaces de identificar la pérdida de determinadas especies de acuerdo a los protocolos

silviculturales. Los agricultores necesitan saber la identidad de las malezas que invaden sus cultivos. La policía requiere la identificación de plantas como evidencia forense en casos judiciales. Los hospitales, a menudo necesitan de la identificación de plantas potencialmente venenosas que podría haber consumido un paciente. Las industrias alimenticia y herbolaria deben proporcionar control de calidad mediante la identificación de las plantas usadas en sus productos (Newmaster *et al.*, 2009).

Por otra parte, las actividades humanas están alterando la evolución de todas las formas de vida en el planeta y llevando muchas de ellas a la extinción (Golding *et al.*, 2009). Por lo tanto, la necesidad de documentar las especies es urgente. La diversidad de la biósfera es tan grande que la catalogación sistemática de nuevas especies por métodos tradicionales está siendo superada por las pérdidas resultantes del impacto humano (Newmaster *et al.*, 2006).

Una alternativa que podría ayudar a resolver los problemas relacionados con la identificación de especies es el uso del código de barra genéticos, principalmente porque es una herramienta que puede ser utilizada de forma rápida, confiable y por gente no experta. En el siguiente apartado se explicará sucintamente en que consiste esta herramienta.

El código de barras genético

El uso de técnicas moleculares para la resolución de diversos problemas de carácter biológico ha crecido enormemente en las últimas décadas; muchas de estas técnicas han sido aplicadas recientemente para la detección e identificación de muestras biológicas (Newmaster *et al.*, 2009). Debido a los avances en las tecnologías de secuenciación y cómputo, las secuencias de ADN se han convertido en la principal fuente de información para avanzar en nuestro conocimiento de los seres vivos (Hajibabaei *et al.*, 2007).

El uso de secuencias de ADN como herramientas para la taxonomía tiene una larga precedencia en el campo de la sistemática molecular (Dick y Kress, 2009). Fue en el 2003 que un grupo de científicos dirigidos por Paul Hebert del Biodiversity Institute of Ontario (BIO), University of Guelph, Canadá, propuso el uso de una porción del gen que codifica para la subunidad I de la enzima oxidasa del citocromo C (*COI*) del ADN mitocondrial, como un marcador de identificación universal para especies animales. Basándose en la idea del código universal de productos, conocido como código de barras en la industria y el comercio, se aplicó el nombre de “código de barras de ADN” a esta técnica de identificación molecular (Hebert *et al.*,

2003). Es así como el código de barras de ADN fue propuesto con la intención de proporcionar una identificación rápida, precisa y automatizable de especies mediante el uso de secuencias cortas y estandarizadas de ADN (Hebert y Gregory, 2005).

En principio, el código de barras podría resolver muchos de los problemas ya mencionados a los que se enfrenta una persona al tratar de identificar una muestra o individuo usando únicamente características morfológicas. Esto no significa que la información morfológica tenga menos importancia. De hecho, el código de barras de ADN es una herramienta adicional que apoya el avance de la taxonomía, también ayuda a la gente no experta que necesita hacer una rápida identificación y a los expertos cuando tienen muestras fragmentarias o procesadas que deben identificar (<http://www.barcodeoflife.org/>).

Para que un código de barras de una región del genoma sea práctico debe satisfacer tres criterios: i) contener variabilidad y divergencia genética significativa a nivel de especie, de manera que la variación interespecífica sea mayor que la intraespecífica; ii) poseer sitios conservados para el desarrollo de oligonucleótidos o “primers” universales para la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), es decir de amplia aplicación taxonómica; y iii) tener una longitud lo suficientemente corta para facilitar la extracción, amplificación y secuenciación del ADN a partir de distintos tipos de muestras biológicas, incluyendo casos donde el ADN está relativamente degradado (<http://www.barcodeoflife.org/>).

Algunas de las debilidades que se pueden presentar al obtener códigos de barras genéticos son, en primera instancia, problemas técnicos para obtener la secuencia, incluyendo la dificultad para extraer el ADN en ciertas muestras (p. ej. tejidos degradados o procesados industrialmente, plantas con química secundaria compleja), hasta la necesidad de usar varios juegos de primers como resultado de la inexistencia de un primer universal. Por tanto, ambos tipos de problema aumentan el tiempo y costo requeridos para obtener una secuencia.

La segunda limitación es la baja capacidad de distinción interespecífica en algunos grupos taxonómicos (Roy *et al.*, 2010). Dicha falta de distinción puede deberse a procesos al nivel de los organismos como hibridación, evolución convergente, entre otros (Spooner, 2009). En el caso de clados donde la especiación ha sido reciente y muy rápida, o las tasas de sustitución han sido muy bajas, las secuencias del código pueden ser similares o idénticas entre especies cercanamente relacionadas (Hollingsworth *et al.*, 2011).

Meyer y Paulay (2005) propusieron que, para que el código de barras realmente funcione, debe existir una discontinuidad entre la máxima distancia intraespecífica y la mínima interespecífica, a lo que llamaron el “barcoding gap” (Fig. 1A). Si las distancias genéticas entre las especies no cumplen con dicha discontinuidad, sino que se traslapan (Fig. 1B), es debido a que especies diferentes tienen secuencias muy similares y no es posible distinguir las correctamente.

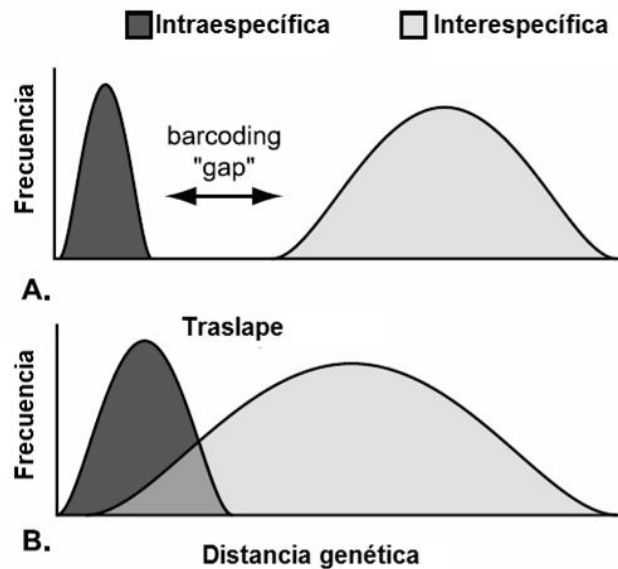


Figura 1. Representación esquemática del “barcoding gap”. A) El código de barras ideal, con distribuciones discretas y sin traslape. B) Situación alternativa con traslape y sin discontinuidad. Adaptado de Meyer y Paulay (2005).

El código de barras genético en plantas

La secuencia de cerca de 600 pares de bases (pb) de *COI*, ha sido aceptada como el código de barras estándar para los animales (<http://www.barcodeoflife.org/>), debido a que ha sido usada con éxito en diferentes grupos taxonómicos (p. ej. Hebert *et al.*, 2003; Janzen *et al.*, 2005; Smith *et al.*, 2008).

Se ha mostrado que más del 95% de las especies animales analizadas posee una secuencia única de *COI* (Hajibabaei *et al.*, 2007). Sin embargo, este gen es un candidato deficiente para la discriminación a nivel de especie en las plantas terrestres, debido a que el genoma mitocondrial de plantas tiene una tasa baja de sustitución (Cho *et al.*, 2004) y con frecuencia presenta rearrreglos, duplicaciones e integración de ADN externo (Palmer *et al.*, 2000), procesos que

impiden el uso de espaciadores intergénicos que sean universales y de fácil alineación en una matriz de secuencias (Kress *et al.*, 2005).

Debido a ello, se han realizado diversos estudios en los cuales se han propuesto diferentes porciones del genoma como candidatos para ser los códigos de barras en plantas, solos o en combinación (p. ej. Kress *et al.*, 2005; Chase *et al.*, 2007; Kress y Erickson, 2007; Fazekas *et al.*, 2008; Lahaye *et al.*, 2008; Newmaster *et al.*, 2008).

Recientemente, Hollingsworth *et al.* (2009) (miembros del Consortium for the Barcode of Life [CBOL], Plant Working Group), propusieron el uso de dos porciones del genoma de cloroplasto como código de barras estándar para plantas terrestres. Este código de barras incluye una porción del gen de la subunidad grande de la enzima ribulosa 1,5-bifosfato carboxilasa-oxigenasa (*rbcL*) y otro del que codifica la madurasa K (*matK*) que interviene en la maduración del ARN mensajero.

Sumado a los marcadores estándar para plantas y animales, recientemente se ha integrado la región de los espaciadores internos transcritos (ITS) del genoma nuclear como el código de barras estándar para hongos (Schoch *et al.*, 2012). Al existir estándares establecidos, es posible realizar estudios enfocados a probar la eficiencia de los marcadores a gran escala.

Una de las pruebas críticas del código de barras de ADN es la evaluación de su aplicabilidad para la realización de inventarios de biodiversidad en áreas geográficas ricas en especies (Lahaye *et al.*, 2008), así como su poder discriminativo entre especies cercanamente relacionadas.

Actualmente están en progreso inventarios completos de especies forestales basados en el código de barras de ADN, tanto en zonas templadas como tropicales. Estos inventarios permiten la identificación de especies a partir de fragmentos de tejido de plantas en investigaciones ecológicas, así como comparaciones cuantitativas de diversidad filogenética entre diferentes bosques (Dick y Kress, 2009). Esto facilita las investigaciones sobre la estructura de comunidades y sus características funcionales de la evolución (p. ej. Kress *et al.*, 2009, Kress *et al.*, 2010, Pei *et al.*, 2011).

En el caso de México, por ejemplo, la Comisión Nacional Forestal (Conafor) visualiza al código de barras genético como una herramienta para reducir el nivel de incertidumbre en las bases de datos del Inventario Nacional Forestal, así como para apoyar a las personas que realizan el inventario de las especies, quienes no son expertas en todos los grupos taxonómicos y

reconocen las especies de comunidades vegetales particulares, de algunos géneros muy diversos o de especies de importancia económica (Zermeño, 2011).

Antecedentes de estudios del código de barras genético en plantas tropicales

Lahaye *et al.* (2008) evaluaron la eficiencia de marcadores potenciales como código de barras genético (*accD*, *ndhJ*, *matK*, *rbcL*, *rpoC1*, *rpoB*, *trnH-psbA* y *ycf5*) en una amplia muestra de orquídeas de Costa Rica y de distintas especies de árboles, arbustos y parásitas en el Parque Nacional Kruger en Sudáfrica. Ellos obtuvieron resultados positivos para *matK* y señalan que este marcador tiene todo el potencial para ser el principal código de barras.

Por otro lado, Kress *et al.* (2009) generaron códigos de barras de las plantas leñosas de una parcela en un bosque tropical húmedo de Panamá. Estos autores mostraron que al utilizar un código de barras con porciones de tres genes (*rbcL*, *matK* y *trnH-psbA*) y la herramienta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool; Zhang *et al.*, 2000) como método de identificación, lograron discriminar correctamente el 98% de las 282 especies para las que tuvieron secuencias. Individualmente, *matK* fue el marcador con menor éxito que los otros marcadores al momento de amplificar y secuenciar (69%); sin embargo, fue útil para distinguir el 99% de especies. Usando únicamente *rbcL* pudieron discriminar el 75% de las especies. Ellos concluyeron que el uso del código de barras genético puede servir como un medio eficiente y efectivo para construir filogenias de comunidades; sin embargo, no es posible identificar todas las especies de géneros que tienen numerosas especies (p. ej. *Inga*, *Ficus*, *Piper*).

En otro estudio, Gonzalez *et al.*, (2009) usaron ocho marcadores genéticos para identificar los árboles juveniles con diámetro a la altura del pecho >10 cm en dos hectáreas de un bosque tropical en la Guayana Francesa. Estos autores fueron capaces de identificar el 96% de las especies utilizando datos moleculares y morfológicos, mientras que al usar únicamente datos morfológicos identificaron el 72%. Ellos concluyeron que el código de barras de ADN es una herramienta invaluable para detectar errores de identificación al usar solo la morfología, así como para identificar plantas en estados juveniles. Contrario a lo que propusieron Kress *et al.*, (2009), Gonzalez *et al.*, (2009) sugirieron que la técnica tiene un uso limitado para identificar a nivel de especie y uno elevado para identificar altos niveles taxonómicos (género, familia). A pesar de ello, consideraron que esta técnica impactará los estudios sobre diversidad de plantas tropicales y otras aplicaciones importantes.

Posteriormente, Kress *et al.* (2010) realizaron un estudio similar al de 2009, esta vez en un bosque tropical de Puerto Rico. Ellos obtuvieron resultados similares a los de Panamá en cuanto a términos del éxito en la identificación.

Muy pocos trabajos que han sido publicados sobre códigos de barras genéticos de plantas de México. Por ejemplo, Nicolalde-Morejón *et al.*, (2010) y Yeson *et al.*, (2011) publicaron trabajos de código de barras enfocándose en grupos taxonómicos específicos: el género *Zamia* (Zamiaceae: Cycadales) y la familia Cactaceae, respectivamente.

En lo que se refiere a la realización de códigos de barras con un enfoque florístico en las regiones tropicales de México, se han estado realizando esfuerzos para generar los códigos de barras de la Reserva de Calakmul en Campeche y de la selva seca de Zimatán en Oaxaca (Cabrera *et al.*, 2011) utilizando ejemplares de herbario. Ambos estudios fueron desarrollados a la par que esta tesis.

La Región de Los Tuxtlas, Veracruz, y la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas

La mitad de las especies del mundo viven en unas 25 áreas tropicales, en su mayoría boscosas, donde la acción humana ya ha eliminado más del 70% de la vegetación natural (Pimm y Jenkins, 2005). Sin embargo, el inventario de las especies en los trópicos está lejos de haberse completado y, sin duda, algunas desaparecerán incluso antes de que se haya tenido conocimiento de su existencia (Bouchet, 2000). Es por ello que estas áreas son un objetivo clave para el código de barras genético, herramienta que podría facilitar los inventarios de biodiversidad a gran escala (Gonzalez *et al.*, 2011).

México es uno de los países con mayor diversidad biológica en el mundo. Asimismo, es una de las principales áreas críticas amenazadas o “hot spots”, siendo los bosques tropicales los ecosistemas que se encuentran en mayor peligro y los que albergan la mayor riqueza de especies del planeta (Mittermeier y Goettsch, 1992).

La Región de Los Tuxtlas se localiza en la planicie costera del Golfo de México, en el sur del estado de Veracruz, entre los 18° 05' y 18° 45' latitud norte y los 94° 35' y 94° 30' longitud oeste. El paisaje está dominado por cuerpos volcánicos; los más conspicuos de éstos son el volcán San Martín, el de Santa Marta y el de San Martín Pajapan (Guevara *et al.*, 2004). Los Tuxtlas constituyen actualmente la última porción de tamaño significativo de selvas húmedas tropicales en su límite de distribución más norteño del Continente Americano y, a pesar de la

fuerte deforestación ocurrida en los últimos 50 años, aún conserva una gran biodiversidad (Dirzo y Miranda, 1992).

En esta región se encuentra la Reserva de la Biósfera Los Tuxtlas (Fig. 2), decretada como tal en 1998. Abarca una superficie total de 155, 122.46 has. y parte de ocho municipios del estado de Veracruz (CONANP, 2006). Dentro de la Reserva está ubicada la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas (EBTLT); la cual fue establecida desde hace más de tres décadas como centro de investigación de campo del Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Dicha estación se encuentra entre los 18°34' y 18°36' de latitud norte y los 95°04' y 95°09' de longitud oeste. Cubre una superficie total de 644 hectáreas, localizadas en la vertiente oriental del Volcán San Martín Tuxtla, en un intervalo altitudinal de 150 a 700 m.s.n.m. (Dirzo *et al.*, 1997) (Fig. 2).

El tipo de vegetación predominante dentro de la EBTLT es la selva alta perennifolia (SAP) (Ibarra-Manríquez *et al.*, 1997). En las revisiones de la lista florística de la estación, Ibarra-Manríquez y Sinaca (1995, 1996a, 1996b, 1997) registraron 943 especies, 545 géneros y 137 familias de plantas vasculares. De ellas, 298 especies (31.7%), 184 géneros y 68 familias presentan la forma de vida arbórea (incluyendo a la familia Arecaceae de las monocotiledóneas). Las familias que poseen mayor número de especies arbóreas son Fabaceae (32 especies), Moraceae (20), Lauraceae (16) y Sapotaceae (10) (Ibarra-Manríquez *et al.*, 1997). La región de Los Tuxtlas es una de las cinco áreas con mayor endemismo de árboles en México, por lo que es un área prioritaria para la conservación de estas especies (Wendt, 1993).

En este trabajo se propone la generación de códigos de barras estándar de una muestra de especies arbóreas de la selva alta perennifolia de la EBTLT y áreas cercanas a la estación a partir del uso de muestras de ejemplares de herbario y tejido secado en gel de sílice. El trabajar con ejemplares de herbario permite reducir el tiempo y los costos necesarios para la generación de los códigos de barras, al no ser requeridas colectas adicionales; también es posible aprovechar el material que ha sido colectado e identificado previamente por expertos. Además, el uso de los ejemplares ya integrados a las colecciones científicas para generar nuevos tipos de datos representa un valor agregado a dichas colecciones.

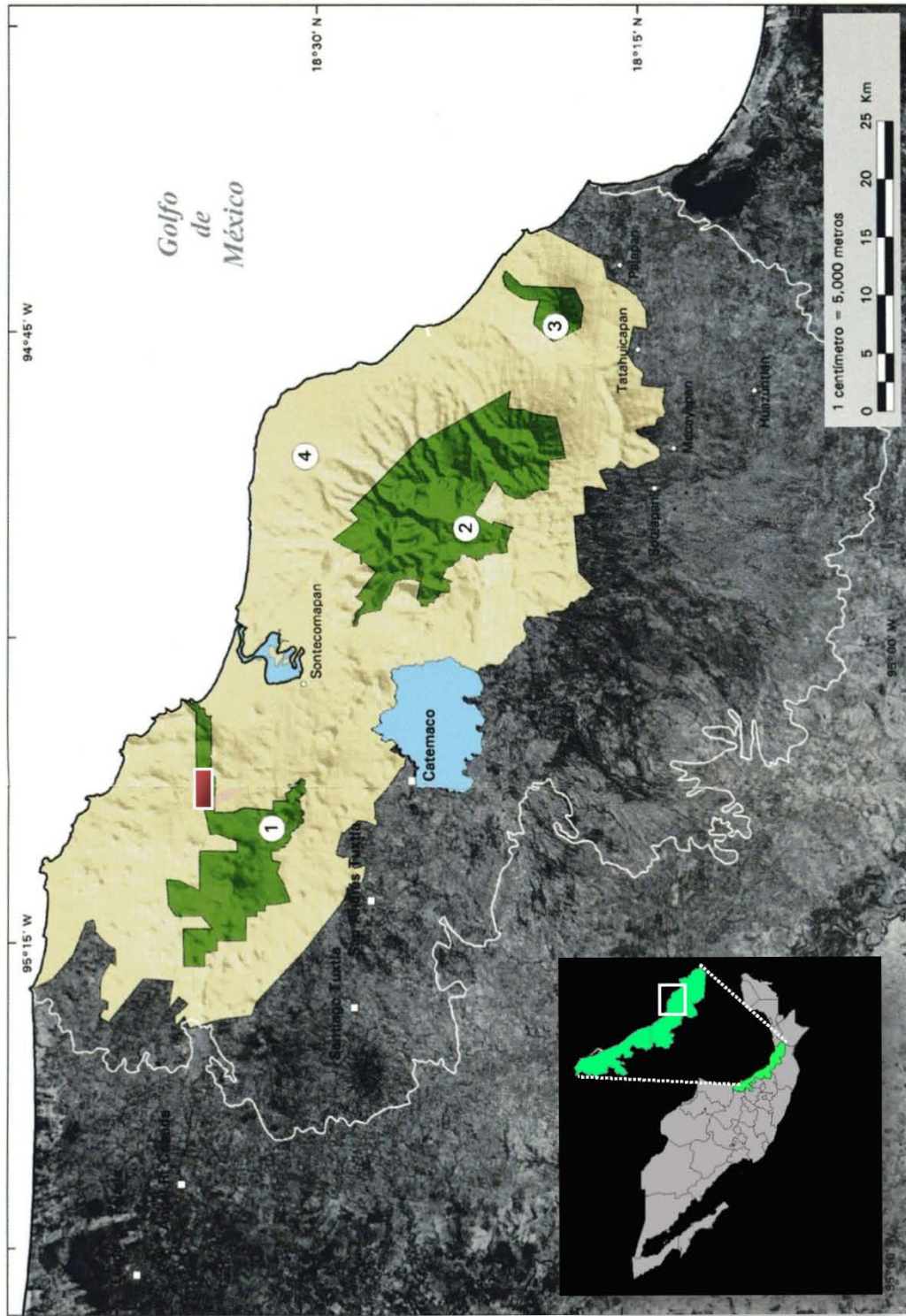


Figura 2. Mapa de la Región de Los Tuxtlas. Adaptado de Guevara *et al.* 2004. 1) zona núcleo San Martín Tuxtla; 2) zona núcleo Santa Marta; 3) zona núcleo San Martín Pajapan; 4) zona de amortiguamiento. El rectángulo rojo indica la ubicación aproximada de la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas.

JUSTIFICACIÓN

La generación de una base de datos de secuencias de ADN, información geográfica y taxonómica conocida como código de barras genético para los árboles de la EBTLT, beneficiaría para apoyar diversos estudios que requieran de la identificación confiable y rápida de muestras botánicas. Por ejemplo, las investigaciones sobre la composición de la comunidad vegetal, o la dieta de animales herbívoros. Actualmente la dificultad de identificar especies de plantas, especialmente a partir de material fragmentario, es un obstáculo para la realización de dichas investigaciones.

HIPÓTESIS

Los marcadores estándar *rbcL* y *matK* del código de barras genético para plantas terrestres son suficientemente variables para permitir la distinción taxonómica de las familias, los géneros y las especies de árboles de la selva alta perennifolia de la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, Veracruz.

OBJETIVOS

Objetivo general

- Generar códigos de barras de ADN para las especies arbóreas de la EBTLT como una herramienta para facilitar la identificación de las mismas.

Objetivos particulares

- Determinar la factibilidad técnica de obtener códigos de barras de ADN a partir de ejemplares de herbario.
- Determinar la capacidad de discriminación del código de barras de ADN, a nivel de familia, género y especie.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestra taxonómica

Para este estudio se realizó el muestreo de 1-2 ejemplares por especie de 177 especies arbóreas previamente identificadas de la flora de la EBTLT y sus inmediaciones. Siempre que fue requerido, se actualizaron los nombres de las especies que estaban identificadas con sinónimos (ver Apéndice A). Se incluyeron preferentemente especímenes colectados recientemente (2004-2010) y depositados en el Herbario Nacional de México (MEXU) como parte de los proyectos de exploración botánica. Además, se tomaron muestras de ejemplares colectados en las tres décadas previas y actualmente depositadas en el Herbario de la EBTLT. A parte de los ejemplares de herbario, se incluyeron algunas muestras de tejido secadas en gel de sílice, obtenidas de ejemplares que fueron colectados para este estudio en la EBTLT y sus inmediaciones en 2010. En total, fueron muestreados y analizados 292 individuos, de los cuales 220 fueron de ejemplares de herbario y 72 de tejido preservado en gel de sílice, algunos ejemplos de especies de árboles que se utilizaron y que fue preservado tejido en gel de sílice se ilustran en el Apéndice B.

Muestreo de los ejemplares

De los ejemplares de herbario seleccionados se tomó una muestra de tejido, ya fuese de hoja, bráctea, o de segmentos florales, de un tamaño aproximado de 0.5 x 0.5 cm. El fragmento fue cepillado con un pincel fino para remover polvo, esporas o granos de polen provenientes de otros ejemplares. Se decidió usar porciones de tejido que estuvieran libres de epifilas (p. ej. musgos, líquenes).

De los ejemplares colectados en vivo se tomó una pequeña muestra de 1-4 cm² de su superficie, la cual se limpió con un trozo de papel secante con agua limpia para remover epifilas y otros contaminantes. La muestra fue subdividida rompiéndola en trozos más pequeños para maximizar la rápida deshidratación. El tejido fue deshidratado en gel de sílice dentro de una pequeña bolsa de plástico hermética, usando 10-20 veces el volumen de gel con respecto al volumen de tejido; este método ha demostrado preservar eficientemente el ADN de un gran número de grupos vegetales (Chase y Hills, 1991).

Procesamiento de las muestras

En una primera fase, fueron seleccionadas 33% de las muestras para realizar la extracción y amplificación del ADN en el Laboratorio de Sistemática Molecular del Departamento de Botánica del Instituto de Biología de la UNAM; para la secuenciación se usó el servicio comercial HTGU (High-Throughput Genomics Unit, University of Washington, Seattle, USA.). Los procedimientos para la extracción, amplificación y análisis de las regiones de ADN de interés fueron los siguientes:

Extracción y purificación de ADN

El ADN fue extraído mediante el procedimiento del 2x CTAB descrito por Doyle y Doyle (1987), modificado por la adición al tampón de extracción de 2% (peso/volumen) de polivinil pirrolidona (PVP).

Dentro de un microtubo se molió con un minipistilo cerca de 0.05 g de tejido vegetal con nitrógeno líquido hasta su pulverización. Al microtubo se le agregaron 500 µl del tampón CTAB precalentado a 65°C, al cual se le había agregado previamente 4% de 2-mercaptoetanol; el extracto obtenido se incubó a 65°C durante 30 min. La extracción se realizó con 500 µl de cloroformo: alcohol isoamílico (24:1) durante 30 min, mezclando suavemente varias veces.

El extracto se centrifugó a 9 000 revoluciones por minuto (RPM) durante 10 min. La fase acuosa (superior) fue transferida a un microtubo limpio. La precipitación del ADN se realizó agregando lo equivalente a 2/3 del volumen del extracto de 2-propanol pre-enfriado a -20°C, invirtiendo el microtubo suavemente varias veces hasta observar enturbiamiento de la mezcla. El extracto se dejó reposar durante 2 h a -20°C y posteriormente se centrifugó a 13 000 RPM durante 5 min. Se descartó el alcohol y el precipitado se lavó añadiéndole 500 µl de etanol al 70% y posteriormente se centrifugó a 13 000 RPM durante 3 min. El alcohol fue descartado y el precipitado, una vez limpio, fue secado mediante centrifugación al vacío durante 6 min y resuspendido en 50 µl de tampón TRIS/EDTA.

El extracto de ADN se evaluó mediante una electroforesis en gel de agarosa al 1% teñido con bromuro de etidio para confirmar la presencia de ADN en el extracto.

Amplificación y secuenciación

La amplificación de las regiones de ADN se efectuó por medio de la PCR, usando la mezcla comercial “Taq PCR Core Kit” (QIAGEN) en reacciones de 25 µl, agregando por mezcla: 0.125 µl de *Taq ADN-polimerasa*, 2.5 µl de buffer 10x, 0.75 µl de MgCl₂ o en algunas ocasiones 1 µl para amplificar *matK*, 0.5 µl de dNTP's, 1 µl de albúmina de suero bovino (BSA), 0.25 µl de cada primer, 19.625 µl de H₂O inyectable y el ADN patrón. La región de *rbcL* se amplificó usando los primers *rbcLa-F* y *rbcLa-R* (Tabla 1); para amplificar la región de *matK* se usaron los primers *matK-1R_KIM* y *matK-3F_KIM* (Tabla 1). En un intento de amplificar *matK* para algunas muestras problemáticas, es decir, que no pudieron ser amplificadas con los primers anteriores, se realizó una PCR anidada con la combinación de primers *matK* 458F (Tabla 1) y *matK-3F_KIM*; y para reamplificar se usaron *matK-1R_KIM* y *matK-3F_KIM*.

Tabla 1. Primers empleados en el presente estudio.

Gen	Nombre del primer	Secuencia (5'- 3')	Dirección	Referencia
<i>rbcL</i>	<i>rbcLa-F</i>	ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGC	“Forward”	Kress y Erickson, 2007
	<i>rbcLa-R</i>	GTAAAATCAAGTCCACCRGC	“Reverse”	Kress y Erickson, 2007
	<i>matK-1R_KIM</i>	ACCCAGTCCATCTGGAAATCTTGTTTC	“Forward”	Ki-Joong Kim, sin publicar
<i>matK</i>	<i>matK-3F_KIM</i>	CGTACAGTACTTTTGTGTTTACGAG	“Reverse”	Ki-Joong Kim, sin publicar
	<i>matK458F</i>	CTACTAAATACCCYAT	“Forward”	Molvray <i>et al.</i> , 2000

Las condiciones de la PCR consistieron en 2 minutos de pre-desnaturalización a 94°C; 35 ciclos con 30 seg de desnaturalización a 94°C; 40 segundos de unión de los primers a 48°C; 40 seg de extensión a 72°C; y 5 min de extensión final a 72 °C. Los productos de la PCR se evaluaron en un gel de agarosa para confirmar la amplificación de un fragmento del peso molecular esperado y fueron enviados a secuenciar en placas de reacción de 96 pozos.

Edición y alineamiento

Los electroferogramas recibidos de la HTGU se editaron con el programa Sequencher versión 4.8 (Gene Codes Corp. Ann Arbor, Michigan). El alineamiento de las regiones se realizó con ayuda de la versión en línea del programa MAFFT (Kato *et al.* 2009). El alineamiento resultante se revisó y corrigió manualmente.

Envío de muestras

En la segunda fase, como parte de la colaboración del Instituto de Biología de la UNAM con el Proyecto Internacional del Código de Barras de la Vida (iBOL), el resto de las muestras de tejido (77%) obtenidas de ejemplares de herbario o secadas en gel de sílice fueron enviadas en placas para tejido de plantas de 96 pozos al Canadian Centre for DNA Barcoding (CCDB) University of Guelph, Canadá, para ser sometidas a los procedimientos estándar para la generación de códigos de barras. Los protocolos para el envío de datos se siguieron de acuerdo a las instrucciones indicadas en el manual del “Barcode Of Life Data systems” (BOLD; www.boldsystems.org).

Uno de los objetivos del código de barras de ADN es el ensamble de bibliotecas de referencia públicas que contengan secuencias de ADN que cumplan con estándares de calidad, y que deriven de especímenes cuya asignación taxonómica pueda ser revisada con imágenes de los especímenes, datos de colecta e identificación. Con este objetivo se creó el portal de BOLD systems (www.boldsystems.org), el cual es un repositorio para los especímenes y las secuencias que forman las unidades básicas de datos de todos los estudios en códigos de barras, y al mismo tiempo, proporciona herramientas de trabajo que ayudan en el manejo, análisis y uso de los códigos de barras de ADN (Ratnasingham y Hebert, 2007).

Para cumplir con dichos lineamientos, las secuencias resultantes del presente trabajo, asociadas a una base de datos de la procedencia de los ejemplares de referencia y una fotografía digital de cada uno de ellos, fueron publicadas al término del proyecto en el portal de BOLD v2.5 (www.boldsystems.org) (Fig. 3).

DNA barcode of the tree flora of the tropical rain forest of the Los Tuxtlas Biosphere Reserve, Veracruz, Mexico [MXBTX]

Specimen Identifiers

Edit Specimen

Sample ID:	Velasco615	Museum ID:	1259138
Isolate / Field Num:	615	Collection Code:	MEXU
Deposited In:	Universidad Nacional Autonoma de Mexico, Instituto de Biologia		

Taxonomy

Identifier:	Eladio Velasco Sinaca
phylum:	Magnoliophyta
class:	Magnoliopsida
order:	Lamiales
family:	Bignoniaceae
genus:	Tabebuia
species:	Tabebuia guayacan
Taxonomy Note:	

Specimen Details

Voucher Type:	
Tissue Type:	
Extra Info:	
Sex:	
Reproduction:	
Life Stage:	
Note:	

Collection Data

Collectors:	Eladio Velasco Sinaca
Date Collected:	02-Apr-2006
Country:	Mexico
State/Province:	Veracruz
Region/County:	San Andres Tuxtla
Sector:	Los Tuxtlas
Exact Site:	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepio
Latitude:	18.5828
Longitude:	-95.0972
Coord. Source :	
Coord.Accuracy:	
Elevation:	230 m
Accuracy:	
Depth:	
Depth Accuracy:	



Expand map

Photographs



Caption:
License: Copyright

[Herbarium Specimen]

Figura 3. Ventanas de metadatos del portal BOLD v2.5 asociados al código de barras de ADN de un individuo. a) Información del espécimen. b) Especificaciones de las secuencias; c) Detalles de los electroferogramas. Continúa figura en la siguiente página.

www.boldsystems.org/views/sequencerecord.php?&

BOLDSYSTEMS v2.5 | Management & Analysis PRINT | **b)**

DNA barcode of the tree flora of the tropical rain forest of the Los Tuxtlas Biosphere Reserve, Veracruz, Mexico [MXBTX]

Barcode Identifiers

Barcode ID:	MXBTX075-10	Sample ID:	Velasco646
Identified As:	Tabebuia guayacan		

MatK | [RbcL \$\alpha\$](#)

Marker:	matK	GenBank Accession:	
Last Updated:	2011-07-14	Translation Matrix:	Standard Code

Sequencing Runs [2/2 Trace Files Successful]

Run Date	Run Site	Direction	Trace File	PCR primers	Seq Primer	Status
<input type="checkbox"/> 2011-04-03 11:36:15	Biodiversity Institute of Ontario	Forward	MXBTX075-10[MatK-1RKIM-f,MatK-3FKIM-r]_F.ab1	MatK-1RKIM-f/MatK-3FKIM-r	MatK-1RKIM-f	high qual
<input type="checkbox"/> 2011-04-03 13:11:14	Biodiversity Institute of Ontario	Reverse	MXBTX075-10[MatK-1RKIM-f,MatK-3FKIM-r]_R.ab1	MatK-1RKIM-f/MatK-3FKIM-r	MatK-3FKIM-r	high qual

[View Trace Files](#) [Download](#)

Nucleotide Sequence

Residues:	844	ATTACGATTCTTCTCAACGAGTATTGTAATC-----GGAATAGTCTTATTACTCCT-----ACTCCAAGAA
Comp. A:	220	A-----GCC-----AGTTCCTCTTTTCAAA-----ACGAAATCAAGATTATTCTTATTC-----
Comp. G:	126	-----TTATATAAATCTCATGTATGTGAATATGAATCCATTTTCGTCTTCTACGTAATCCATCTTATCATT
Comp. C:	141	ACGATCAACATCTTCTGGAGTCTCTTGAACGAATCTAATTTCTATGGAAAAATAGAAGGCTTGTGAACG---T
Comp. T:	270	CTTTGTTAAGCTTAAGGATTTTCAG---GCGAACCTATGGTTGGTCAAGGAACCTTGCATGCATTATATTAGGTA
Ambiguous :	0	TCAAAGAAAATCCATTCTGG-----CTTCAAAGGGACGTCTCTTTTCATGAATAAATGGAATGTTACCTTGT

[Clear Sequence](#)

Identify Sequence Using: [Full Database](#)

Amino Acid Sequence

Residues:	262	LRFFLNEYCNX-XNSLITP--IPKK--A----SSFSX-XRNQRLFLF---LYNSHVCEYESIFVFLRNPYSHL
		RSTSSGVLLERIFYGKIEGLVNXFVFLKDFQ--ANLWLVKEPCMHIYRQRKSIKX-XSRGTSLFMKNKWCYLV
		TFWQWHFSLWFYPRRIYINXXLX-XNHSLEFX-XGYX-XSTVVMNPSVVRSQILENSFLX-XNNAIKKFDLIVPI
		IPLIASLAKAKFCNVLGHPIPKPVRADLSDSNIIDRFGRICRNLSHYHSGSSKKKS-----

Illustrative Barcode

Sample Report From LIMS

Report Available.

Logged in as : Karen Beatriz Hernandez Esquivel Build Time : 0.41 s | Render Time : 0.662 s

About Us | Citation | Contact Us Copyright 2012 - Biodiversity Institute of Ontario

Figura 3. Continuación.

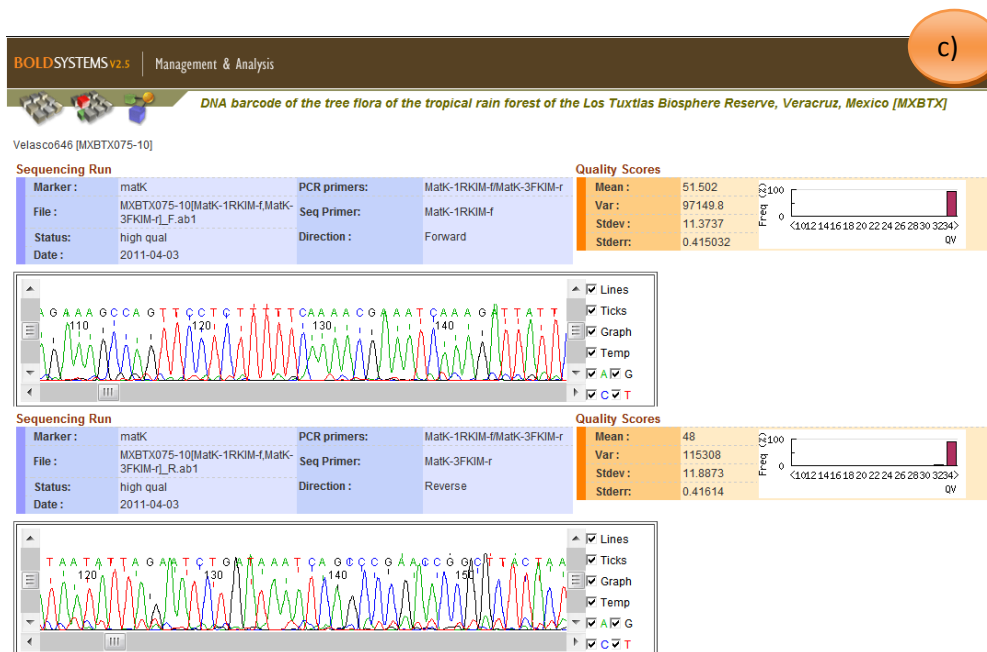


Figura 3. Continuación.

Análisis de datos

Factibilidad técnica de obtener códigos de barras genéticos de muestras de herbario y secadas en gel de sílice

Se registró el porcentaje de amplificaciones que produjeron una banda visible de ADN suficiente para su secuenciación, el de las reacciones que requirieron reamplificación y el de las secuencias exitosas, para cada uno de los marcadores. Los resultados obtenidos de la amplificación y secuenciación de material herborizado fueron contrastados con los del material colectado fresco que fue secado en gel de sílice.

Para saber si existieron diferencias significativas en el éxito tanto de secuenciación y amplificación entre ambos tipos de muestra y entre ambos marcadores, se realizó una prueba de “t de Student” con el programa SigmaPlot 2001© v. 7.0. Se realizó un análisis de regresión lineal para saber si existe una relación entre la edad de un espécimen y la longitud de la secuencia obtenida usando la herramienta de “Regresión lineal” en el programa SigmaPlot 2001© v. 7.0.

Usando las herramientas de BOLD (Figs. 3b y 3c) se obtuvo la calidad de las secuencias mediante el porcentaje de nucleótidos que no pudieron ser reconocidos (“N”) y la calidad de los

electroferogramas evaluados a través de la determinación de un puntaje PHRED (Ewing y Green, 1998). El programa PHRED lee los cromatogramas y analiza los picos que nombran las bases. BOLD asigna un puntaje para cada posición de los nucleótidos y un promedio para la secuencia completa. Usando estos resultados, se coloca cada secuencia dentro de cuatro categorías: 1) fallida: no secuenció; 2) baja calidad: media PHRED < 30; 3) mediana calidad: media PHRED de 30 a 40; y 4) alta calidad: media PHRED > 40 (Ratnasingham y Hebert, 2007).

Discriminación taxonómica

Para evaluar la capacidad de discriminación taxonómica de los códigos de barras genéticos (*rbcL* + *matK*) entre las especies, los géneros y las familias de la flora arbórea de la EBTLT y sus inmediaciones, se utilizaron varios métodos que ayudaran a distinguir una especie de otra, y que además asignaran cada especie a su taxón correspondiente. Estos métodos son:

A) Asignación taxonómica con BLAST

Para cada secuencia generada se registró la asignación taxonómica a nivel de familia, género y especie mediante búsquedas BLASTn 2.2.25+ (Zhang *et al.*, 2000), que utiliza la base de datos de nucleótidos disponibles GenBank. El BLASTn no permite combinar los datos de ambos marcadores en una sola búsqueda; en este caso lo que se hizo fue evaluar en cuales especies, géneros y familias la asignación coincidía en ambos marcadores. De las asignaciones resultantes solo se registró el porcentaje de aquellas que fueron correctas. Esta misma búsqueda fue útil para identificar contaminaciones (asignación incorrecta en todos los niveles taxonómicos).

B) Análisis de distancia genética

Se utilizaron las distancias genéticas como método de discriminación de especies usando los marcadores *rbcL* y *matK* solos y en combinación (*rbcL+matK*). Para esto se construyó un fenograma o árbol de distancia mediante el método de “neighbor-joining” (NJ, vecino más cercano; Nei y Kumar, 2000), basado en la estimación de divergencia de las secuencias con el modelo de 2 parámetros de Kimura (K2P; Kimura, 1980), procedimiento propuesto por Hebert *et al.* (2003, 2004), usando el programa PAUP* 4.02b para Macintosh (Swofford, 2002).

El árbol NJ fue evaluado usando el método de “Identificación basada en árbol, criterio revisado”, propuesto por Meier *et al.* (2006), y la evaluación se reforzó utilizando un umbral de distancia genética para decidir la distancia máxima a la que tienen que estar dos individuos para considerarse probablemente la misma especie (Hebert *et al.*, 2003).

El método de identificación consistió primeramente en considerar cada secuencia como si fuera una especie desconocida y el resto de las secuencias como las especies de referencia. De esta forma se determinó si se podría asignar una secuencia desconocida a una especie de forma: i) correcta: si la secuencia caía dentro de un agrupamiento o al menos en un nodo con individuos de su misma especie (conespecíficos) y la distancia genética estaba bajo el umbral calculado (Fig. 4a); ii) ambigua: si la secuencia carecía de conespecíficos o si estaba dentro de un nodo con conespecíficos y otras especies diferentes (aloespecíficos) (Fig. 4b); y iii) incorrecta: si la secuencia caía dentro de un grupo aloespecífico (Fig. 4c) y bajo el umbral genético calculado.

Un caso digno de atención especial es en el que se agrupara la secuencia de una especie con las secuencias de una especie diferente, el método la situaría como una asignación errónea; ya que si se fuese a identificar, se asumiría que pertenece a la misma especie de las secuencias en que se agrupó (Meier *et al.*, 2006).

El umbral fue calculado de forma que la distancia intraespecífica asignara correctamente el 95% de los individuos a sus conespecíficos (Meier *et al.*, 2006). De acuerdo con este método, la distancia entre dos individuos tendría que ser mayor a la del umbral para considerarse probablemente una especie diferente, por lo que la secuencia “desconocida” sólo será asignada al nombre del taxón de referencia si es suficientemente similar (bajo el umbral) (Wilson *et al.*, 2011).

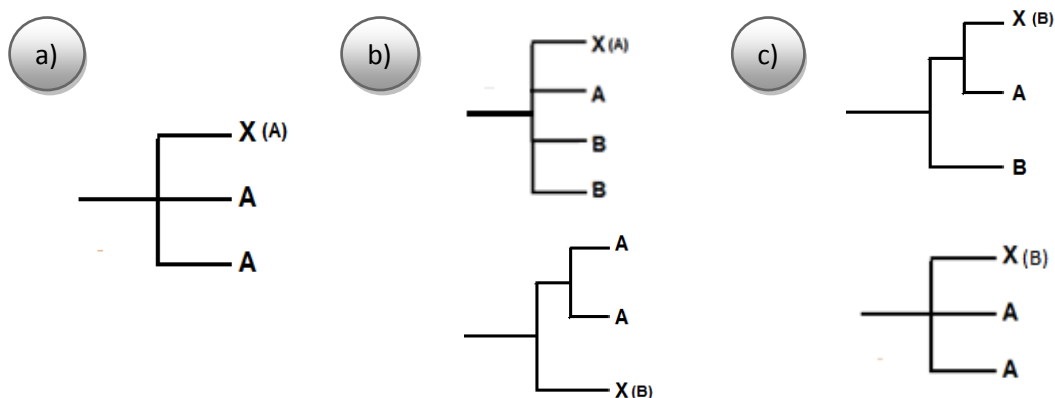


Figura 4. Ejemplos de los criterios para evaluar el árbol de distancia neighbour-joining por el método “Identificación basada en árbol, criterio revisado” (Meier *et al.*, 2006). a) Correcta: si cae dentro de un nodo sin bifurcación

con individuos de su misma especie; b) Ambigua: si la secuencia carece de conespecíficos o si está dentro de un nodo con conespecíficos y aloespecíficos; c) Incorrecta: la secuencia se agrupa o cae dentro de un nodo aloespecífico. Las letras A y B indican las especies conocidas y la X la especie desconocida.

Una vez que se clasificaron las secuencias dentro de cada criterio, se obtuvo el porcentaje de asignación de especies por criterio y para cada análisis realizado (*rbcL*, *matK* y *rbcL+matK*). Además se contabilizó el porcentaje de especies que aunque no tuvieron conespecífico, pudieron ser discriminadas de sus especies más cercanas al tener una distancia mayor a la del umbral.

El porcentaje de discriminación de géneros y familias se estimó tomando en cuenta la agrupación correcta y la distinción de cada uno, sin incluir un umbral para la delimitación.

Se graficaron las distancias genéticas para contrastar la variación intraespecífica contra la interespecífica a partir del análisis de los marcadores, y al mismo tiempo para evaluar la presencia o ausencia del “barcoding gap”. El procedimiento consistió en la elaboración de gráficas de distribución de frecuencias en el programa Microsoft Excel 2010. Se graficó el porcentaje de distancia contra su frecuencia para el total de las combinaciones pareadas intraespecíficas, y se compararon con las combinaciones pareadas interespecíficas de especies congénicas, esto para cada uno de los tres análisis. Una última gráfica se realizó con el mismo procedimiento excepto que en ésta se graficaron todas las distancias interespecíficas únicamente del análisis combinado.

Para medir el grado de traslape entre las distancias intra- e interespecíficas, se calculó la diferencia entre las distancias intra- e interespecíficas, después de excluir el 5% de la intraespecífica más grande y el 5% de la interespecífica más pequeña (Meier *et al.*, 2006; Meier *et al.*, 2008), con el fin de excluir datos que pudieran ser identificaciones erróneas.

C) Búsqueda de caracteres diagnósticos

También se exploró la utilidad de realizar una búsqueda de caracteres diagnósticos sobre las mismas secuencias, sin árboles de referencia, que puedan servir para distinguir los taxa (De Salle *et al.*, 2005). Este análisis se enfocó principalmente en algunos grupos taxonómicos que fueron difíciles de distinguir usando el método de distancia “neighbor-joining” (NJ) del análisis combinado (*rbcL+matK*) y los resultados se compararon con los de especies que se distinguen fácilmente con el NJ.

La búsqueda de nucleótidos diagnósticos (ND) se hizo de forma directa usando MEGA 4 (Tamura *et al.*, 2007), a través del examen de las secuencias alineadas, marcando todos los sitios variables y alternando la opción ‘use identical symbol’ para resaltar los ND únicos (Wong, *et al.*, 2009). Así fueron registrados los nucleótidos variables, sus posiciones y el marcador al que pertenecen.

Se buscaron caracteres únicos para las especies: i) *Stemmadenia galeottiana* y *S. donell-smithii*, comparados con los caracteres de las secuencias del género *Tabernaemontana* (familia Apocynaceae); ii) los caracteres de las especies del género *Inga* se compararon con los de la especie *Abarema idiopoda* (Fabaceae, subfamilia Mimosoideae); iii) los de las especies del género *Nectandra* (Lauraceae) se compararon con los de las especies del género *Ocotea* (Lauraceae), así mismo especies del género *Ocotea* se compararon con las especies *O. verticillata* y *O. dendrodaphne*; y iv) los caracteres de las especies del género *Eugenia* se compararon con los de *Calyptantes chiapensis* (Myrtaceae).

RESULTADOS

Factibilidad técnica de obtener códigos de barras de ADN

Para el total de las muestras analizadas se obtuvieron mejores resultados al amplificar *rbcL* que *matK* (Fig. 5) con un porcentaje de 93% y 75%, respectivamente. Para las muestras de herbario, *rbcL* amplificó el 89% y *matK* el 72%, mientras que las muestras en gel de sílice amplificaron 100% para *rbcL* y 85% para *matK* (Tabla 2). El 71% del total de las muestras de *matK* tuvieron que ser reamplificadas. Algunas muestras procesadas en el CCDB requirieron de un segundo juego de primers (Cuenoud *et al.*, 2002) para reamplificar, lo que incrementó el tiempo y el costo en la obtención de secuencias de este marcador.

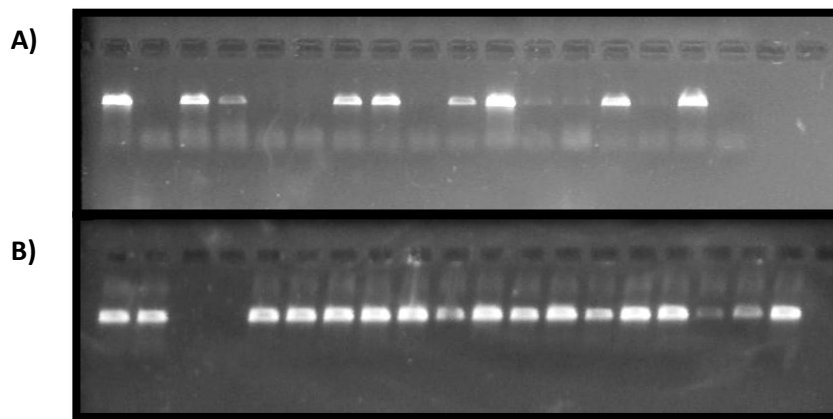


Figura 5. Ejemplo de evaluación de la amplificación en gel de agarosa. La banda brillante indica la presencia de ADN. A) Evaluación realizada para *matK*. B) Evaluación realizada para *rbcL*. Se puede notar que en *rbcL* hay una mayor cantidad de productos de PCR exitosos que en *matK*.

En el caso de la secuenciación, el marcador *rbcL* fue exitoso para el 89% del total de las muestras y *matK* para el 65% (Tabla 2). De los ejemplares de herbario se obtuvieron secuencias exitosas para el 86 % en *rbcL* y 60% en *matK*; y de las muestras en sílice se obtuvieron secuencias en el 98% para *rbcL* y 85% para *matK* (Tabla 2).

En total se obtuvieron secuencias de *rbcL* para el 93% de las especies, 95% de los géneros y 98% de las familias. Por otro lado, a partir de *matK* se generaron secuencias que corresponden al 71% de las especies, 76% de los géneros y 98% de las familias (Tabla 2). El total de individuos que tuvieron secuencias para ambos marcadores fueron 187 de 282, es decir, sólo del 66.3% de las muestras se pudieron generar códigos de barras completos (*rbcL+matK*). Con

estas secuencias se realizaron los análisis de distancia genética NJ para cada marcador y para los marcadores combinados con el programa PAUP* (Swofford, 2002).

Se obtuvieron códigos de barras completos para 124 especies (70%), aunque sólo de 60 especies se obtuvieron secuencias para más de un individuo. Estas especies con código de barras completo pertenecen a 89 de los géneros (72%) y 45 de las familias (86.5%) (Tabla 2).

Finalmente, se lograron generar los códigos de barras para 91 especies arbóreas (31%) de la EBTLT y de 32 especies de localidades cercanas a la Estación ubicadas dentro de la Reserva de la Biósfera Los Tuxtlas.

Tabla 2. Éxito de amplificación y secuenciación para las muestras usadas en este estudio*.

	n	<i>rbcl</i>		<i>matK</i>		<i>rbcl+matK</i> SEQ
		AMPL	SEQ	AMPL	SEQ	
Muestras totales	292	272 (93%)	261 (89%)	219 (75%)	190 (65%)	187 (64%)
Muestras de herbario	220	196 (89%)	190 (86%)	158 (72%)	131 (60%)	127 (58%)
Muestras en gel de sílice	72	72 (100%)	71 (98%)	61 (85%)	60 (84.5%)	60 (84.5%)
Reamplificaciones		76 (26.4%)	----	156 (71%)	----	----
Contaminaciones		----	13 (5%)	----	13 (7%)	----
Especies	177		167 (93%)		126 (71%)	124 (70%)
Especies con >1 muestra	110		91 (55%)		60 (49%)	60 (49%)
Géneros	123		117 (95%)		94 (76%)	89 (72%)
Familias	52		50 (98%)		46 (90%)	45 (86.5)

*Para cada marcador (*rbcl* y *matK*) se indica el número total de amplificaciones (AMPL) y secuenciaciones (SEQ), el número entre paréntesis indica el porcentaje. La última columna indica el total de muestras con secuencias de ambos marcadores.

Por otro lado, las pruebas de “t de Student” indicaron que existen diferencias significativas en las medias de los porcentajes de amplificación y secuenciación entre ambos marcadores (Tabla 3); por el contrario, no existen diferencias significativas en el porcentaje tanto de amplificación como de secuenciación entre las muestras de herbario y en gel sílice que fueron trabajadas (Tabla 4 y 5).

Tabla 3. Prueba t de student para encontrar diferencias en el porcentaje de amplificación y secuenciación entre *rbcl* y *matK*

	Media	SD	Error Std.	95% Conf	99% Conf.	N	Total	Min	Max	G. L.
<i>rbcl</i> (%)	91	2.8284	2	24.0679	98.0037	2	182	89	93	2
<i>matK</i> (%)	70	7.0711	5	60.1698	245.0093	2	140	65	75	2

Regla de decisión: Ho: $\mu_1 = \mu_2$; Ha: $\mu_1 \neq \mu_2$

Rechazar Ho si $t_o > t^{\alpha, 0.05/2g}$ o si $-t_o < -t^{\alpha, 0.05/2g}$

$t_o = 3.8996$; $t^{\alpha, 0.05/2g} = 2.920$

$3.8996 > 2.920$ por lo tanto se rechaza Ho, Ha: $\mu_1 \neq \mu_2$.

Tabla 4. Prueba t de student para encontrar diferencias en el porcentaje de amplificación entre muestras de herbario y gel de sílice.

	Media	SD	Error Std.	95% Conf	99% Conf.	N	Total	Min	Max	G. L.
Herbario (%)	80.5	12.0208	8.5	102.2887	343.013	2	161	72	89	2
Sílice (%)	92.5	10.6066	7.5	90.2547	612.5232	2	185	85	100	2

Regla de decisión: $H_0: \mu_1 = \mu_2$; $H_a: \mu_1 \neq \mu_2$

Rechazar H_0 si $t > t^{\alpha, 0.05/2gl}$ o si $-t < -t^{\alpha, 0.05/2gl}$

$t_0 = -1.0586$; $t^{\alpha, 0.05/2gl} = -2.920$

$-1.01 > -2.920$ por lo tanto no se rechaza $H_0: \mu_1 = \mu_2$

Tabla 5. Prueba t de student para encontrar diferencias en el porcentaje de secuenciación entre muestras de herbario y gel de sílice

	Media	SD	Error Std.	95% Conf	99% Conf.	N	Total	Min	Max	G. L.
Herbario (%)	73	18.3848	13	204.5773	637.0241	2	146	60	86	2
Sílice (%)	91	9.8995	7	84.2377	343.0130	2	182	84	98	2

Regla de decisión: $H_0: \mu_1 = \mu_2$; $H_a: \mu_1 \neq \mu_2$

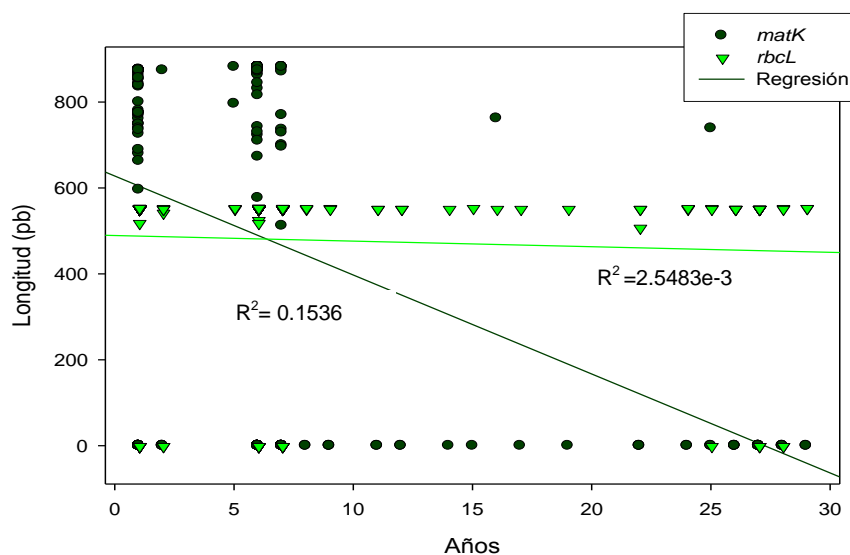
Rechazar H_0 si $t > t^{\alpha, 0.05/2gl}$ o si $-t < -t^{\alpha, 0.05/2gl}$

$t_0 = -1.2191$; $t^{\alpha, 0.05/2gl} = -2.920$

$-1.2191 > -2.920$ por lo tanto no se rechaza $H_0: \mu_1 = \mu_2$

El análisis de regresión lineal realizado para saber si existe relación entre la longitud de la secuencia (pb) y la edad que tiene el espécimen (años) (Fig. 6) dio como resultado una R^2 de 0.15 en *matK* y de $2.5483e-3$ en *rbcL*. En *rbcL* dicho parámetro es muy cercano a cero, lo que muestra que no hay relación significativa entre estos dos factores. Por su parte, en *matK* se muestra también una relación poco significativa; sin embargo, al observar los datos graficados (Fig. 6) existe una tendencia a la disminución en la obtención de secuencias conforme ha pasado el tiempo.

Figura 6. Diagrama de dispersión de la relación entre la edad del espécimen (años) y la longitud de la secuencia (pb) para los dos marcadores por separado (*rbcL* y *matK*).



La calidad de los electroferogramas es diferente entre los dos marcadores; en *rbcL* el 86% de los electroferogramas tiene una alta calidad de acuerdo con el puntaje PHRED, y en *matK* sólo apróx. 36% tiene alta calidad, con un porcentaje similar de electroferogramas fallidos (Tabla 6).

Por otro lado, la calidad de las secuencias que se generaron con los electroferogramas de alta calidad es buena en ambos marcadores con <1% de ambigüedades en las bases (Tabla 7).

Tabla 6. Calidad del electroferograma (%) con base en el puntaje PHRED calculado por el sistema BOLD

	Alta	Media	Baja	Fallida	Total
<i>rbclA</i>	86.38	3.76	3.05	6.81	558
<i>matK</i>	36.34	18.28	11.97	33.41	476

Tabla 7. Calidad de las secuencias con base en el puntaje PHRED calculado por el sistema BOLD

	Alta (<1%N's)	Media (<2%N's)	Baja (<4%N's)	Poco Fiable (>4%N's)
<i>rbclA</i>	98.1	1.52	0.38	0
<i>matK</i>	100	0	0	0

Discriminación taxonómica

Asignación taxonómica con BLAST

La asignación a nivel de especie usando los marcadores individuales, al efectuar búsquedas BLAST, fue baja para ambos marcadores: *rbcL* 18% (30 especies) y *matK* 19% (24). A nivel de género *rbcL* tuvo el 84% (98 géneros) de asignación correcta y *matK* el 75.5% (71). Para el nivel de familia ambos marcadores asignaron el 100% de las secuencias a la familia correcta. La combinación de los dos marcadores dio como resultado la asignación correcta del 6% (n=7) a nivel de especie, el 66% (59) a nivel de género y el 98% (44) a nivel de familia.

Análisis de distancia genética

Las matrices de datos generadas consistieron de 262 taxa y 554 caracteres para *rbcL*; 190 taxa y 885 caracteres para *matK*; y de 187 taxa y 1439 caracteres para el análisis combinado de

rbcL+matK. El total de combinaciones pareadas de distancia genética entre todas las secuencias fue de 34 453 para *rbcL*, de 17 578 para *matK* y de 17 391 para el análisis combinado.

En el Apéndice C se muestran las distancias intraespecíficas e interespecíficas congénicas del análisis combinado de los marcadores. Lo cual es muy relevante debido a que esta información es la base para la discriminación de los taxa. En las Figuras 7, 8, y 9 se muestran los árboles NJ obtenidos del análisis de los marcadores *rbcL*, *matK* y combinados, respectivamente. En cada uno se señalan ejemplos de especies que se pudieron discriminar de forma correcta, ambigua e incorrecta.

El porcentaje de discriminación correcta a nivel de especie, utilizando el método de “identificación basada en árbol, criterio revisado” + umbral, fue muy similar en los tres análisis al obtenerse un intervalo de entre 37 y 40% (Tabla 8). El porcentaje más alto fue el obtenido en el análisis de los marcadores combinados *rbcL+matK*, seguido de *rbcL* y por último *matK*. Entre el 5.6 y el 6.5% de las especies fueron asignadas de forma incorrecta, obteniendo el porcentaje más bajo en los marcadores combinados y el más alto en *rbcL* (Tabla 8). Por último, la discriminación ambigua de las especies ocurrió en un mayor porcentaje, con un 54% en *rbcL+matK*, 56% en *matK* y 59% en *rbcL* (Tabla 8).

Tabla 8. Capacidad de discriminación de especies de los marcadores moleculares usados, basada en el método “Identificación con árbol, criterio revisado”.

Discriminación NJ	N	Correcta	Ambigua	Incorrecta	Umbral
<i>rbcL</i>	167	67 (39.5%)	99 (59.2%)	11 (6.5%)	0.54%
<i>matK</i>	126	47 (37.3 %)	71 (56.3%)	8 (6.3%)	0.64%
<i>rbcL+matK</i>	124	50 (40.3%)	67 (54%)	7 (5.6%)	0.37%

En los tres análisis la mayoría de los pares de individuos por especie se agruparon y distinguieron correctamente. Sin embargo, en los análisis que se obtuvieron las dos secuencias por especie para *rbcL* y ambas fueron asignadas correctamente, hubo casos en que éstas mismas tuvieron que ser asignadas de forma ambigua al faltar las secuencias de *matK* en los otros dos análisis ejemplo de ello fueron: *Cynometra retusa*, *Erythrina folkersii*, *Leucaena leucocephala* de la familia Fabaceae (Figs. 7, 8 y 9).

Otro caso que merece mención especial fue el de los individuos que se agruparon con un aloespecífico en vez de un conoespecífico, con una distancia genética más cercana al primero. Ejemplo de ello fueron *Ilex quercetorum* (Aquifoliaceae; Fig. 9) y *Stemmadenia donnell-smithii*

Figura 7. Árbol de distancia de “neighbor-joining” de 167 especies arbóreas de la EBTLT usando el marcador molecular *rbcl*. Las líneas de colores del lado derecho indican el nombre de las familias. Los cuadros verdes indican ejemplos de discriminación correcta, los amarillos de ambigua y los rojos de errónea, a nivel de especie.



Figura 7.
Continuación

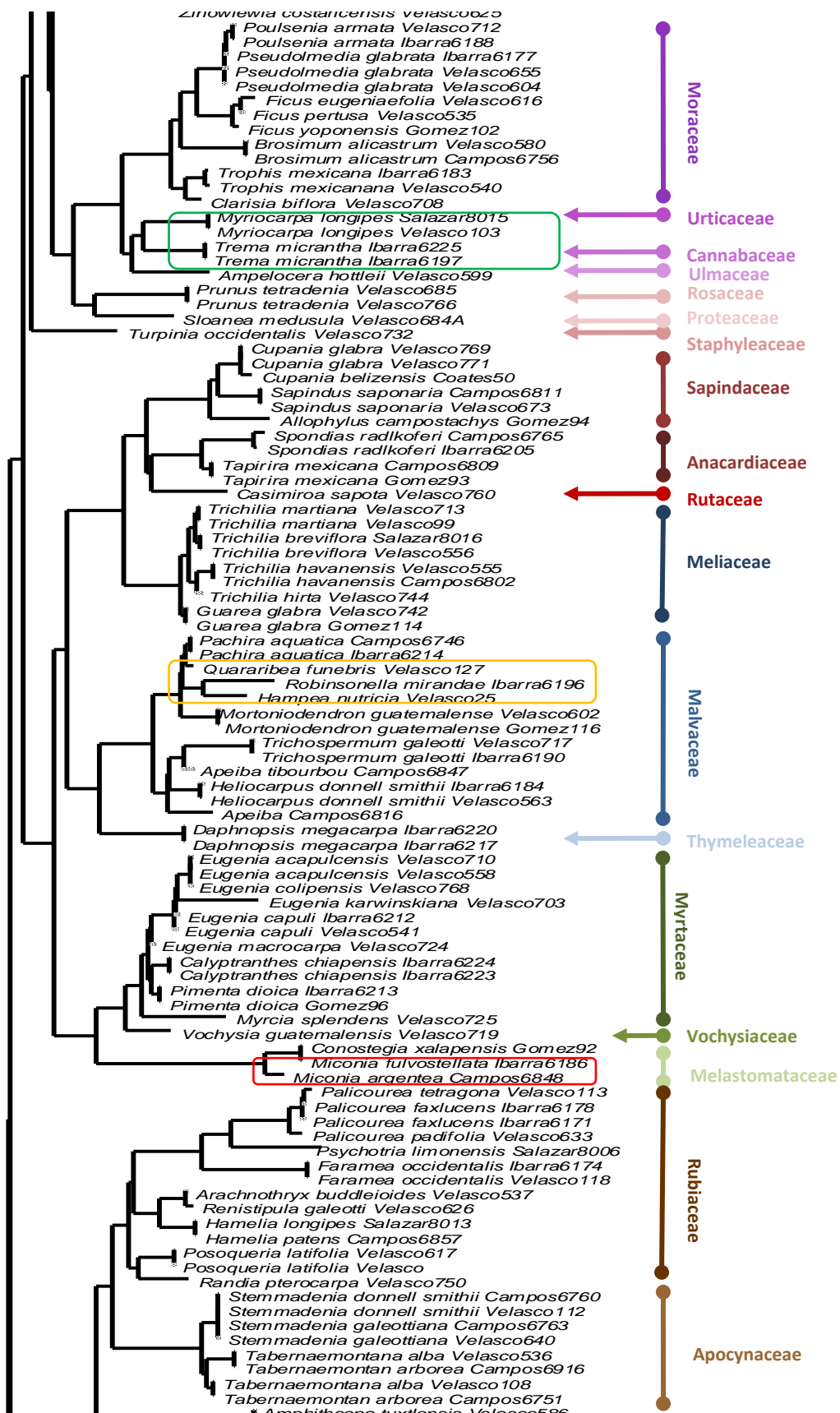
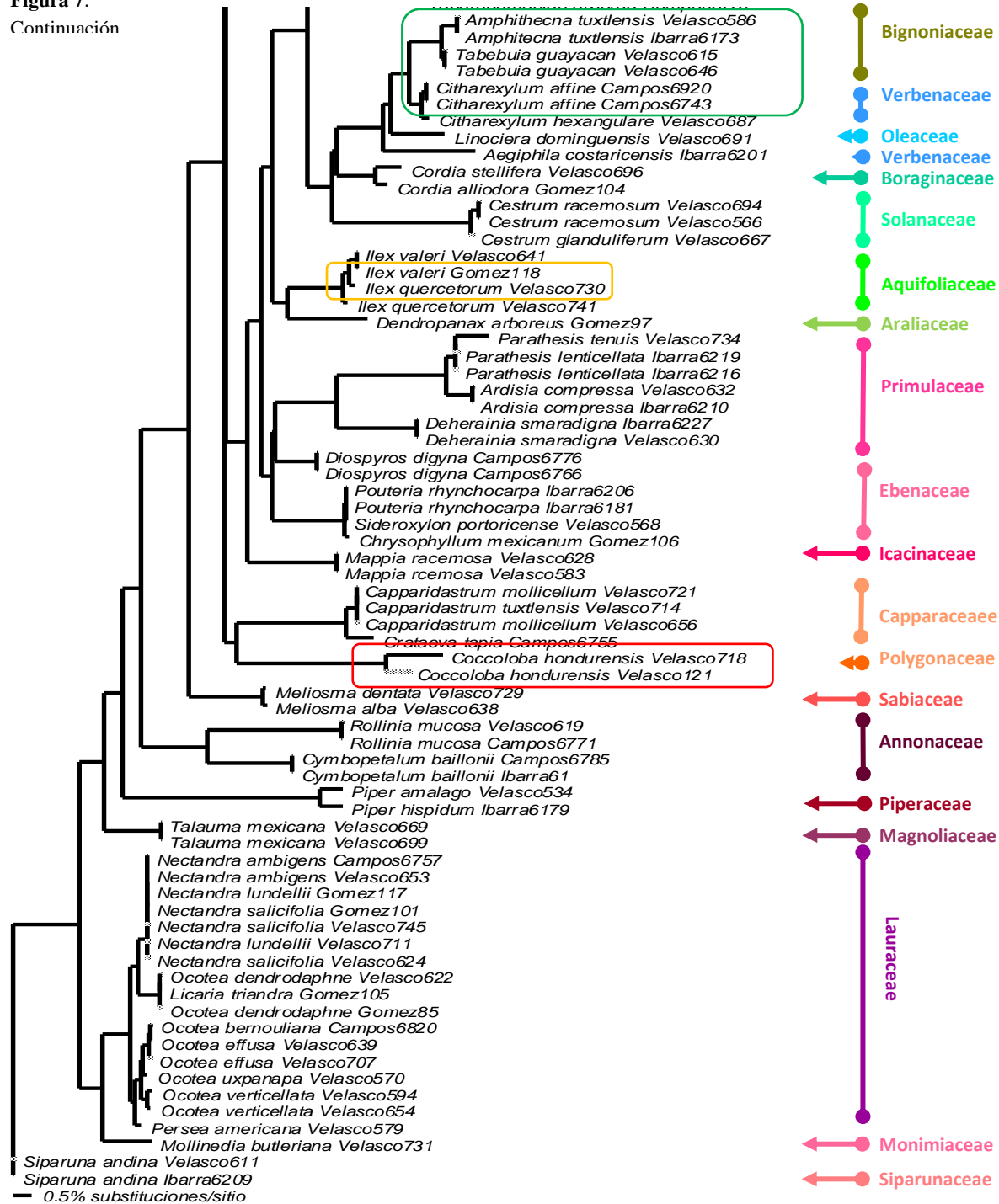


Figura 7.

Continuación



NJ **Figura 8.** Árbol de distancia de “neighbor-joining” de 126 especies arbóreas de la EBTLT usando el marcador molecular *matK*. Las líneas de colores del lado derecho indican el nombre de las familias. Los cuadros verdes indican ejemplos de discriminación correcta, los amarillos de ambigua y los rojos de errónea, a nivel de especie.

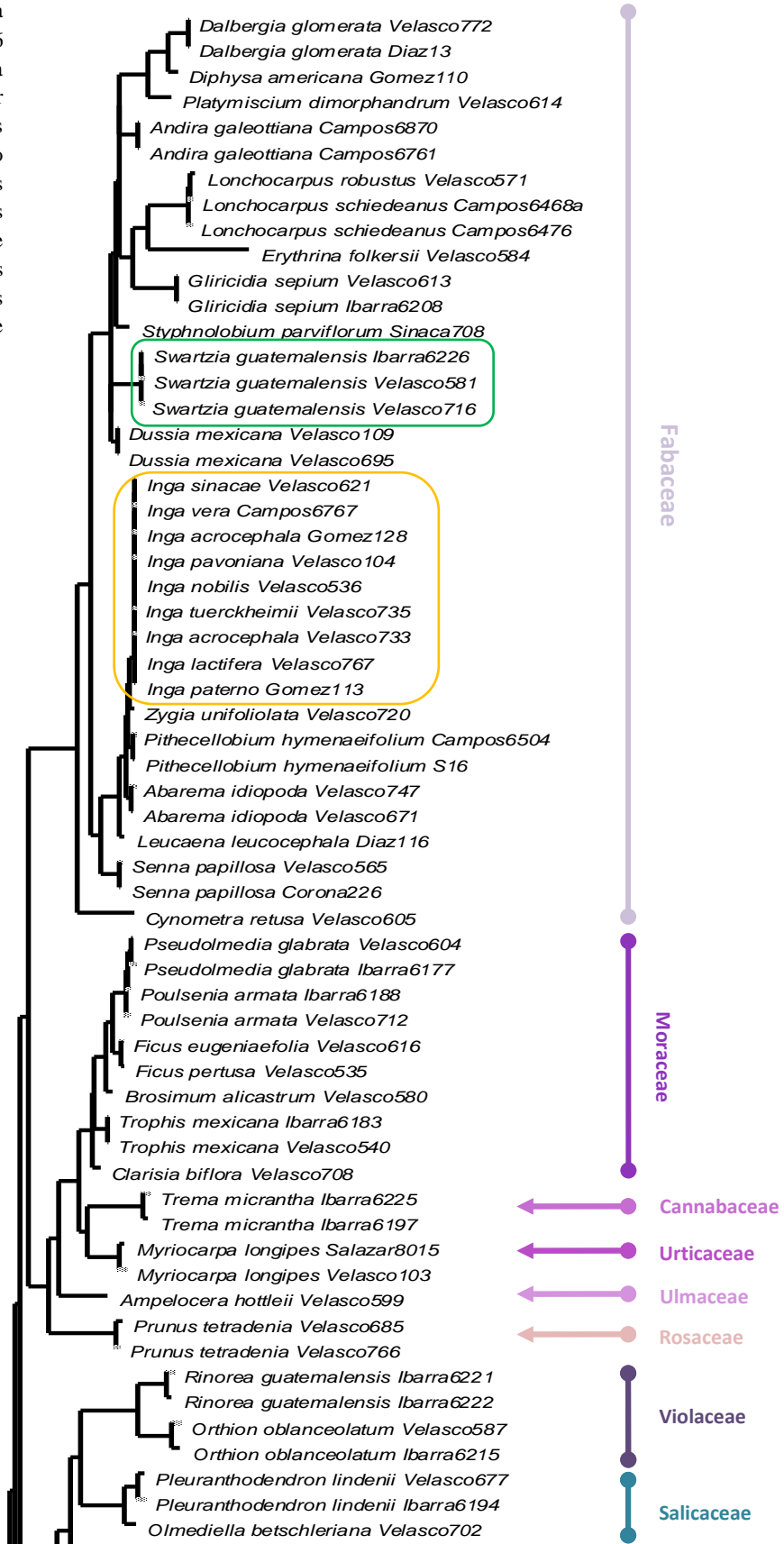


Figura 8.
Continuación.

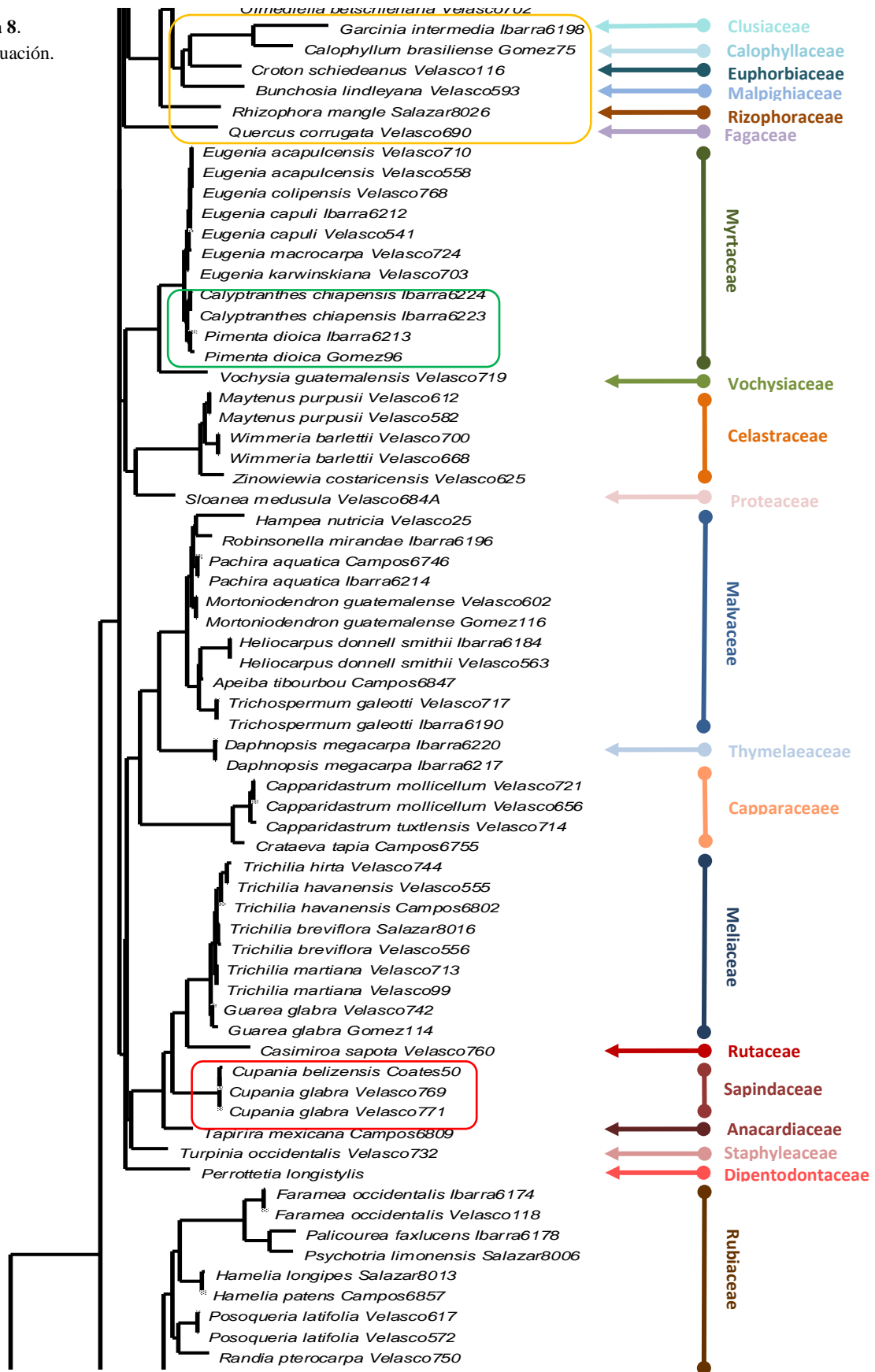


Figura 8.
Continuación.

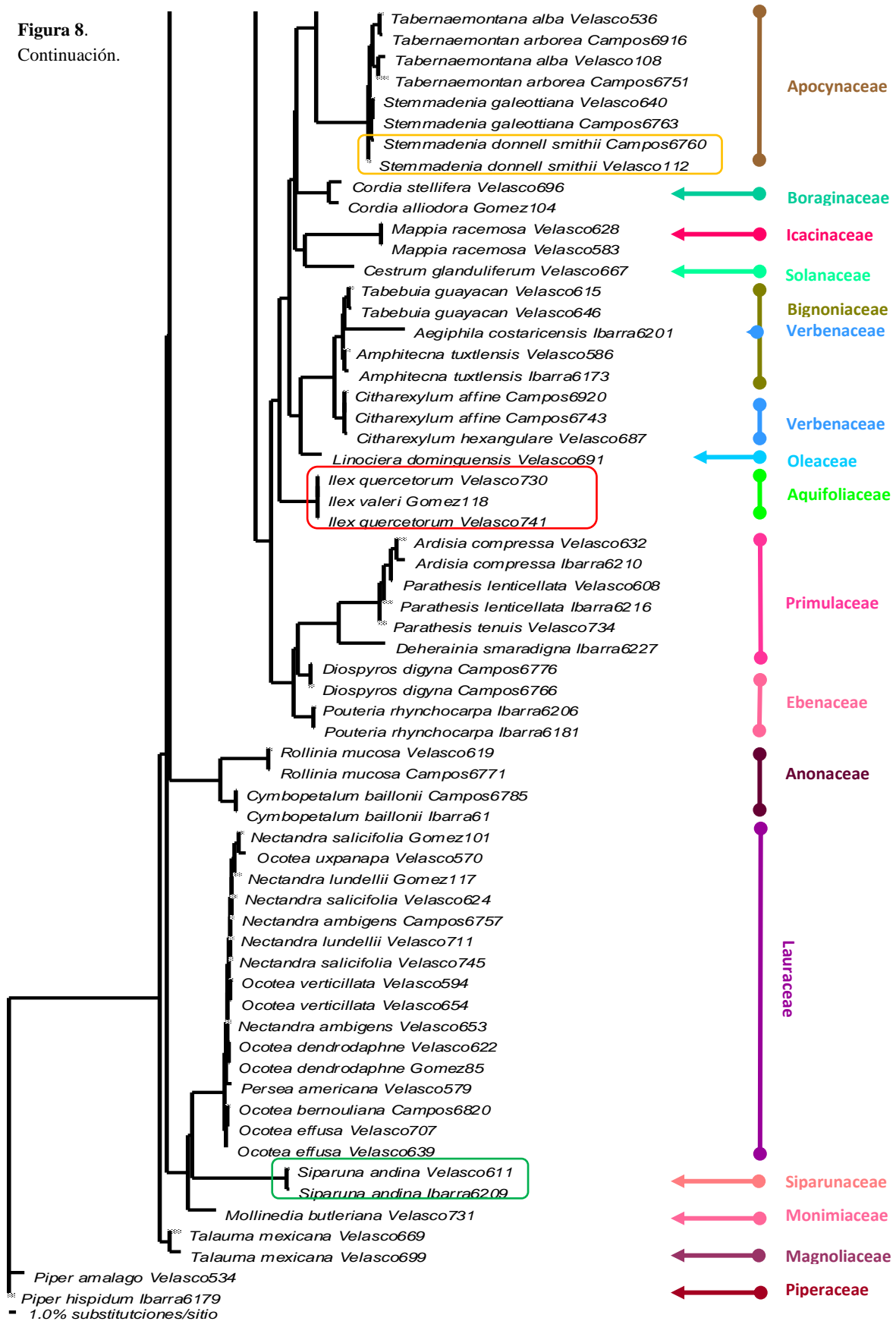


Figura 9. Árbol de distancia de “neighbor-joining” de 124 especies arbóreas de la EBTLT usando los marcadores moleculares *rbcL* y *matK*. Las líneas de colores del lado derecho indican el nombre de las familias. Los cuadros verdes indican ejemplos de discriminación correcta, los amarillos de ambigua y los rojos de errónea, a nivel de especie.

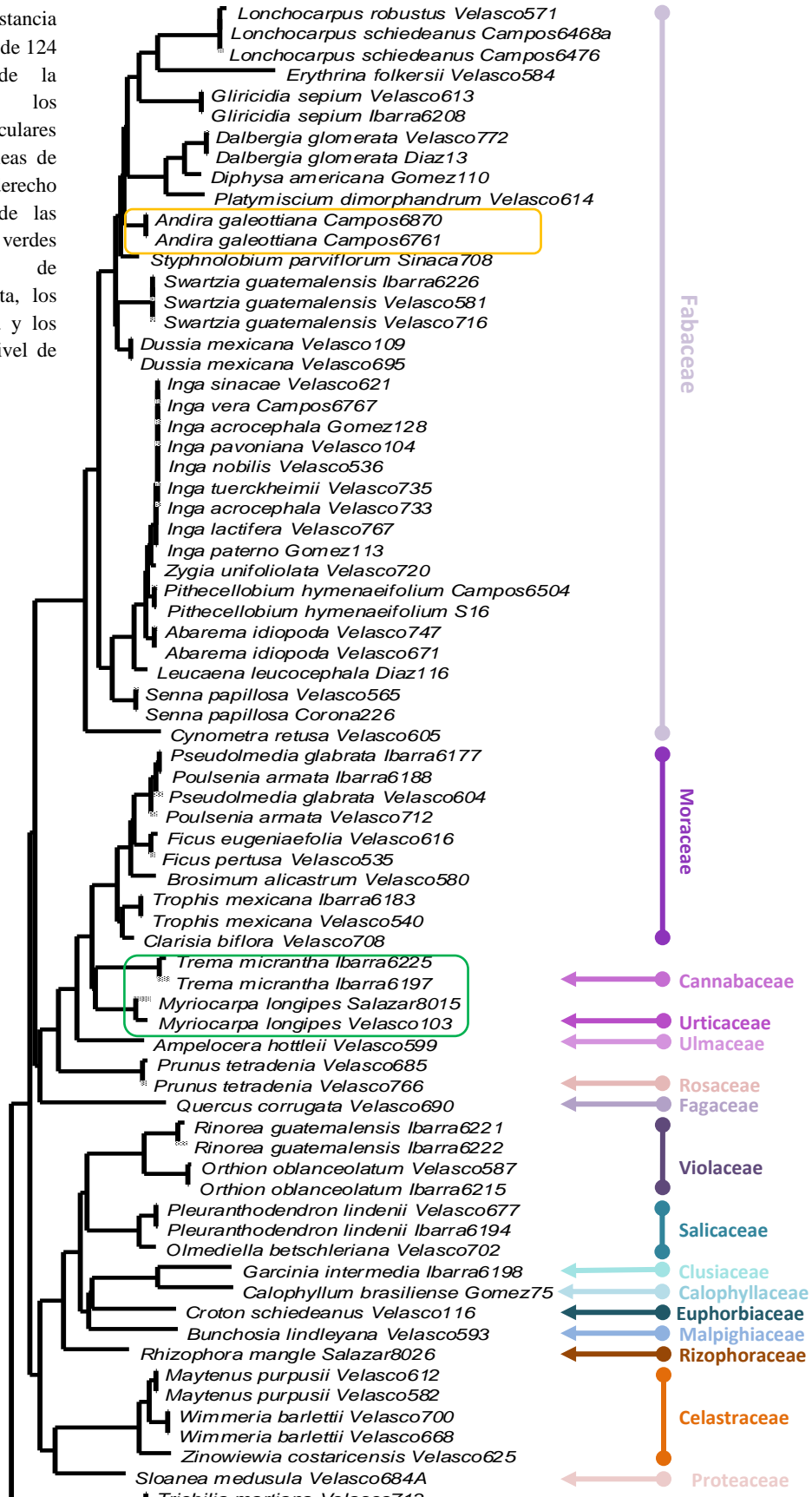
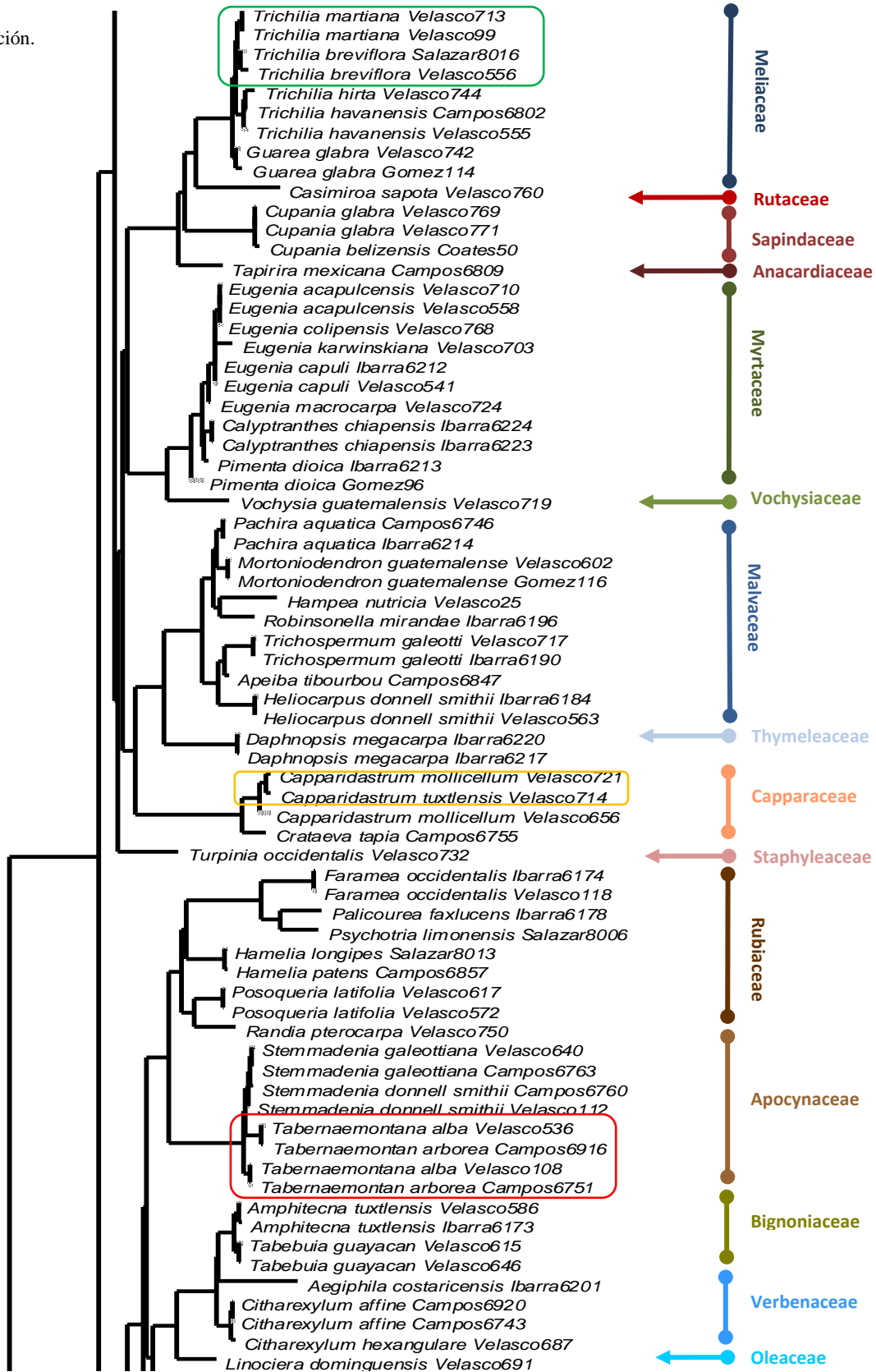


Figura 9.
Continuación.



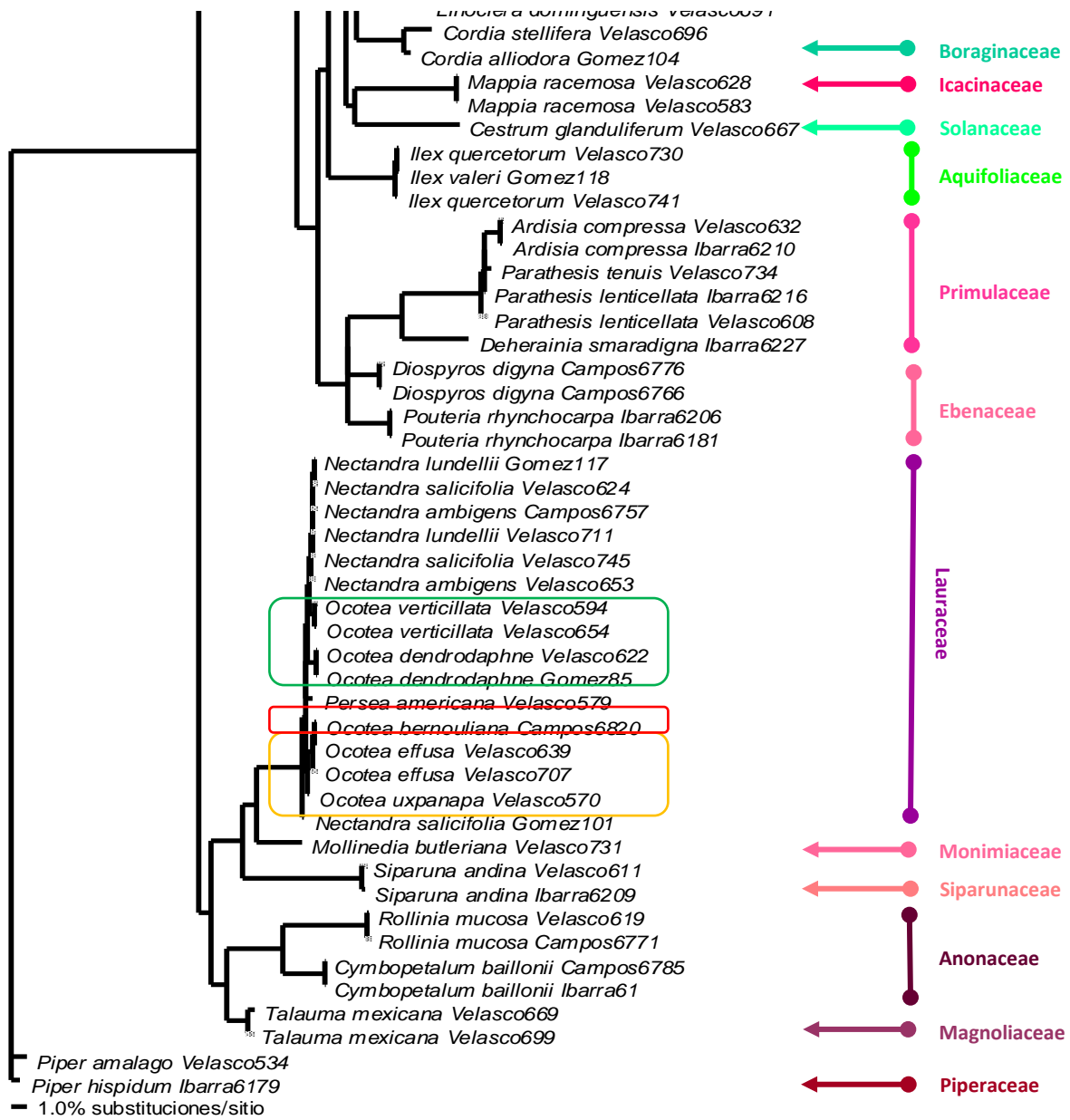


Figura 9. Continuación.

(Apocynaceae; Figs. 8 y 9). Una situación similar fue el resultado del análisis combinado en *Poulsenia armata* (Moraceae), *Pseudolmedia glabrata* (Moraceae) y *Pimenta dioica* (Myrtaceae) (Fig. 9), en la que los individuos formaron grupos con aloespecíficos en vez de agruparse con su conespecífico; sin embargo, las distancias intraespecíficas fueron menores que las interespecíficas, por lo que estas especies se clasificaron como correctas.

Por otro lado, aquellas especies clasificadas como ambiguas, fueron aquellas que no tuvieron conespecífico, pero su distancia genética fue suficientemente mayor (arriba del umbral) a la de su vecino más cercano. Estas especies cubrieron un porcentaje de 26% en *rbcL* y aprox. 37% en *matK* y *rbcL+matK*. Por consiguiente, se mencionan en una categoría aparte a todas aquellas especies con suficiente variación genética para ser diferenciadas con los datos de este estudio, independientemente de su asignación correcta a un conespecífico. De este modo, al sumar el porcentaje anterior con el de las especies asignadas correctas, un 65.8% de las especies pueden diferenciarse por tener una distancia interespecífica de su vecino más cercano mayor al umbral en el análisis para *rbcL*, un 74.6% para *matK* y un 77.4% para el análisis combinado (Tabla 9).

Tabla 9. Especies diferenciadas por tener una distancia genética arriba del umbral de su vecino más cercano

Discriminación NJ	N	Especies sin conespecífico	Especies con conespecífico	Suma	Umbral
<i>rbcL</i>	167	44 (26.34%)	67 (39.5%)	110 (65.8%)	0.54%
<i>matK</i>	126	47 (37.3%)	47 (37.3 %)	94 (74.6%)	0.64%
<i>rbcL+matK</i>	124	46 (37%)	50 (40.3%)	96 (77.4%)	0.37%

En el caso de la discriminación correcta de los géneros, un alto porcentaje pudo discriminarse en los tres análisis; el más bajo fue obtenido para *rbcL* con 87%, mientras que en *matK* y *rbcL+matK* se obtuvo el mismo porcentaje (97%) (Tabla 10).

La discriminación de familias fue cercana al 100% en *rbcL* y *matK* (Tabla 9), en ambos casos. Solamente en la familia Verbenaceae hubo fallas en la agrupación correcta de los individuos incluidos en esta familia (Figs. 7 y 8). En el análisis combinado más del 95% de las familias pudieron ser discriminadas (Tabla 10); en este caso, los únicos individuos secuenciados de las familias Malpighiaceae y Euphorbiaceae cayeron dentro de una rama sin resolución (Fig. 9).

Tabla 10. Porcentaje de géneros y familias que fueron discriminadas correctamente.

Discriminación NJ	N géneros	Géneros	N familias	Familias
<i>rbcL</i>	117	87% (102)	50	98% (49)
<i>matK</i>	94	97% (91)	46	99% (45)
<i>rbcL+matK</i>	89	97% (86)	45	95.5% (43)

En los histogramas realizados para evaluar la variación genética y el “barcoding gap” es posible observar dos picos diferentes para las distancias intra- e interespecíficas (Fig. 10). Sin embargo, para la gráfica que incluye todas las distancias interespecíficas del análisis combinado (Fig. 11), los máximos picos de ambas distancias están más alejados, es decir, que las medias están más alejadas: 0.1% la media intraespecífica vs 15.52% la media interespecífica. Asimismo, cada gráfica mostró un ligero grado de traslape (Fig. 10). La distancia genética que se traslapa es de 0.36, 0.37 y 0.64% en *rbcL*, *rbcL+matK* y *matK*, respectivamente (Tabla 10), lo cual demuestra la ausencia de discontinuidad o “barcoding gap” (Tabla 10).

Debido a la falta de discontinuidad, se obtuvieron distancias mínimas intra- e interespecíficas de 0.0% en los tres análisis (Fig. 10; Tabla 11). Esto indica la presencia de secuencias similares entre individuos de diferentes especies, lo que se puede observar gráficamente en las figs. 7, 8 y 9 de los árboles de NJ para géneros como *Inga* (Fabaceae) o *Nectandra* (Lauraceae).

La máxima distancia intraespecífica observada (Tabla 8) fue para *Tabernaemontana arborea* (Apocynaceae) en el análisis de *matK* y el combinado (Figs. 8 y 9), y para *Coccoloba hondurensis* (Polygonaceae) en los análisis de *rbcL* (Fig. 7). Las distancias genéticas de dichas especies rebasan el umbral mínimo calculado para cada marcador, por lo que han sido designadas como discriminaciones erróneas.

La máxima interespecífica (congenérica) (Tabla 8) fue registrada para el género *Cordia* (Boraginaceae) en el análisis de *matK* y combinado (Figs. 8 y 9), y para el género *Croton* (Euphorbiaceae) en *rbcL* (Fig. 7).

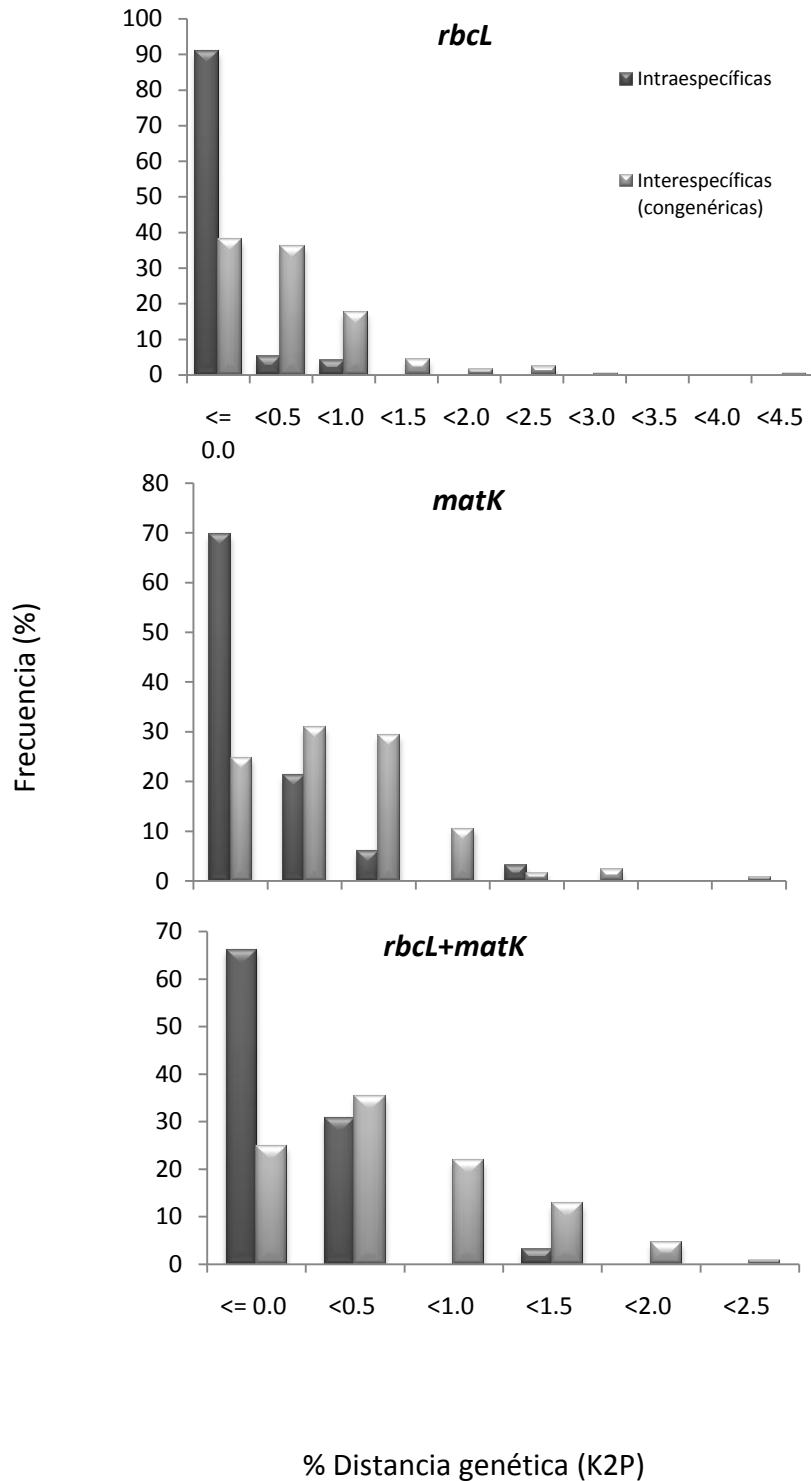


Figura 10. Histogramas indicando la frecuencia de las distancias genéticas (%) intraespecíficas e interespecíficas, del análisis 2-parámetros de Kimura (K2P) para *rbcl*, *matK* y combinado (*rbcl+matK*). Las barras gris oscuro indican las distancias intraespecíficas, las gris claro las distancias interespecíficas congenéricas.

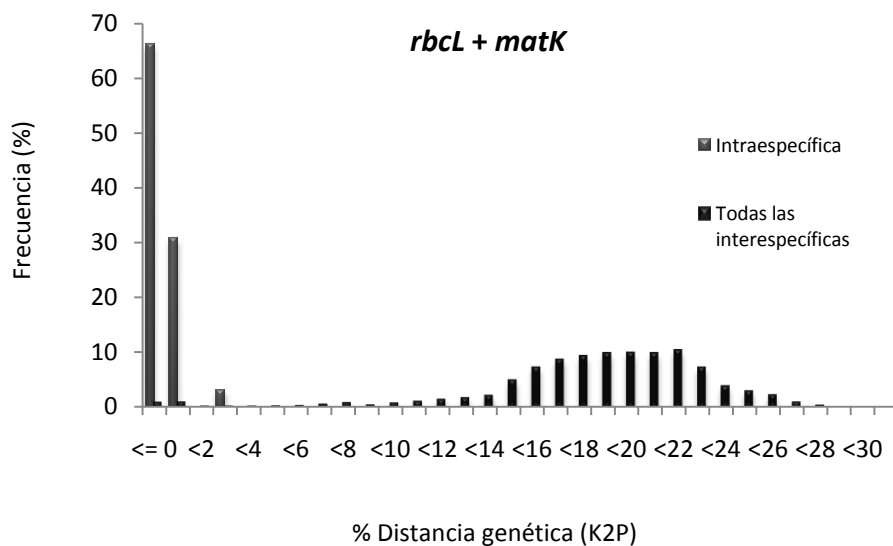


Figura 11. Histograma indicando la frecuencia de las distancias genéticas (%) intraespecíficas e interespecíficas, del análisis 2-parámetros de Kimura (K2P) (*rbcL+matK*). Las barras gris oscuro indican las distancias intraespecíficas, las negras indican el total de distancias interespecíficas.

Tabla 11. Variación de las secuencias (2-parámetros de Kimura) para los árboles de la EBTLT								
Distancias		No. de comparaciones	No. de taxa	Mínima	Media	Máxima	SD	Traslape
<i>matK</i>	Intraesp.	132	62	0	0.14	1.83	0.003	0.64
	Interesp./ géneros	238	44	0	0.56	3.14	0.005	
<i>rbcL</i>	Intraesp.	198	90	0	0.04	0.92	0.001	0.36
	Interesp./ géneros	528	73	0	0.37	4.15	0.005	
<i>rbcL+matK</i>	Intraesp.	130	61	0	0.1	1.45	0.002	0.37
	Interesp.	239	44	0	0.5	2.17	0.005	
	Interesp. / géneros Tot.	17, 327	124	0	15.52	25.96	3.9	

Búsqueda de caracteres diagnósticos

Se detectaron varios casos de especies congénicas que no presentaron una sola diferencia en sus secuencias como las especies *Eugenia acapulcensis* con *E. colipensis* (Myrtaceae), las tres especies del género *Nectandra* (Lauraceae), *Ocotea effusa* con *O. bernouliana* (Lauraceae) y seis especies del género *Inga* (Fabaceae) (Tabla 12). Por tanto, todas tuvieron distancias interespecíficas congénicas de 0% (apéndice B). Las únicas especies del género *Inga* que presentan un solo Nucleótido Diagnóstico son *I. lactifera* e *I. nobilis* (Tabla 12).

Dentro de la búsqueda de caracteres se integraron especies que fueron asignadas como ambiguas en el análisis NJ y tienen ND que las distinguen de sus especies congénicas, como *Eugenia karwinskyana*, *E. macrocarpa* y *Ocotea uxpanapa* (Tabla 12). Sin embargo, estos ND no se pueden confirmar como constantes para la especie por la falta de un segundo individuo.

En la familia Apocynaceae, *Stemmadenia galeottiana* presenta dos ND y *S. donnell-smithii* no tiene caracteres únicos compartidos por las secuencias de los dos individuos (Tabla 9). Sin embargo, cada secuencia individualmente sí tiene ND que se distinguen de todos los otros individuos de la familia.

La búsqueda de ND en esta familia sirvió además para confirmar las identificaciones erróneas de las especies de *Tabernaemontana*, ya que las secuencias marcadas como *T. alba* (Velasco 536) y *T. arbórea* (Campos 6916) comparten 7 NDs; mientras que, *T. alba* (Velasco 108) y *T. arbórea* (Campos 6751) muestran tener 7 NDs en común (Tabla 12). Cabe mencionar que esta afirmación se hace ya que no hay evidencia de que las muestras hayan sido cambiadas de nombre porque cada una se manipuló en tiempo y lugar distintos, con el mismo fin de evitar el intercambio de muestras.

Tabla 12. Análisis de carácter por carácter para algunas especies de árboles de la EBTLT realizado a partir de una matriz alineada con los marcadores *rbcL* y *matK* en combinación*

Familia Apocynaceae				Familia Myrtaceae					
<i>Stemmadenia galeotiana</i>	<i>Stemmadenia donell-smithii</i>	<i>Tabernaemontana alba</i>	<i>Tabernaemontana arborea</i>	<i>Calyptanthes chiapensis</i>	<i>Eugenia acapulcensis</i>	<i>Eugenia capuli</i>	<i>Eugenia colipensis</i>	<i>Eugenia macrocarpa</i>	<i>Eugenia karwinskiana</i>
T-933-m	A-814-m (Campos6760)	TTT-8-r	C-274-r	C-245-r	N	T-1049-m	N	G-564-m	A-42
C-1354-m	G-849-m (Campos6760)	C-15-r	C-560-m	T-517-r				A-861-m	G-187
	C-955-m (Velasco112)	C-685-m (Campos6916)	A-669-m	A-744-m				T-862	A-388
	T-1364-m (Velasco112)	C-1075-m	A-883-m	C-765-m					T-1134
	T-862-m (Velasco112)	G-1250-m	T-914-m	CTA-833					G-1254
		T-1257-m	A-924-m						C-1430
		G-1304-m	A-1319-m						
		A-1372-m							
Familia Lauraceae									
<i>Nectandra ambigens</i>	<i>Nectandra lundelii</i>	<i>Nectandra salicifolia</i>	<i>Ocotea bernouliana</i>	<i>Ocotea dendrodaphne</i>	<i>Ocotea effusa</i>	<i>Ocotea verticillata</i>	<i>Ocotea uxpanapa</i>		
N	N	N	N	C-62-r	N	C-79-r	T-529-r		
				TT-68-r		C-538-r (Velasco594)	T-618-m		
				AT-420-r		A-1041-m	A-744-m		
				C-469-r		G-1393-m			
				C-910-m					
				T-1326-m					
Familia Fabaceae, subfamilia mimosoideae									
<i>Inga acrocephala</i>	<i>Inga lactifera</i>	<i>Inga nobilis</i>	<i>Inga paterno</i>	<i>Inga pavoniana</i>	<i>Inga sinacae</i>	<i>Inga tuerckheimii</i>	<i>Inga vera</i>	<i>Abarema idiopoda</i>	
N	T-932-m	T-1073-m	N	N	N	N	N	T-239-r	
								T-246-r	
								AGG-693-m	
								T-932-m	
								G-1196-m	
								G-1257-m	

*Las especies marcadas con “N” indican que no hay caracteres únicos, r= *rbcL* y m= *matK*. Entre paréntesis esta el nombre de la secuencia a la que pertenece el nucleótido diagnóstico, en los casos que no se presentó en las dos secuencias de la misma especie.

DISCUSIÓN

Factibilidad técnica de obtener códigos de barras de ADN

En el presente estudio se confirmó un mayor éxito de amplificación y secuenciación en *rbcL* que en *matK* en las muestras de los árboles de la EBTLT, como ya lo han documentado estudios previos que han utilizado una amplia muestra taxonómica de plantas tropicales (Fazekas *et al.*, 2008; Kress *et al.*, 2009, Gonzalez *et al.*, 2009; Kress *et al.*, 2010). Se reafirma que *rbcL* tiene una elevada factibilidad técnica para ser usado como código de barras, ya que es fácil de obtener y posee suficiente universalidad, propiedades importantes que también son señaladas por diferentes autores como deseables de un código de barras (Newmaster, *et al.*, 2006; Kress y Erickson, 2007; Lahaye *et al.*, 2008; Hollingsworth *et al.*, 2009).

Por otro lado, el éxito en la obtención de secuencias de *matK* en este trabajo fue menor que el reportado por la mayoría de los trabajos ya mencionados, excepto por el de Kress y Erickson (2007) quienes obtuvieron un éxito en *matK* de casi 40%. Por el contrario, Hollingsworth *et al.* (2009) obtuvieron un porcentaje de >90% de éxito en *matK*. Sin embargo, Gonzalez *et al.*, (2009) mencionan que la diferencia de resultados se debe al uso de varias combinaciones de primers.

Una de las causas probables del bajo desempeño de *matK* en este estudio, podría deberse a la presencia de variabilidad en la parte de la secuencia donde se insertan los primers (Kress y Erickson, 2007). Por ello, al utilizar varios juegos de primers que se inserten en diferentes zonas a lo largo de la secuencia de *matK*, se aumenta la posibilidad de obtener éste marcador.

Un factor adicional de esta situación podría ser la diferencia en longitud de secuencia. La porción de *rbcL* consiste de 599 pb, mientras que la de *matK* es mayor con aproximadamente 841 pb. Esto implica que en ADN degradado, como el obtenido de los ejemplares de herbario utilizados aquí, es más difícil obtener un marcador con una gran longitud (Hajibabaei *et al.*, 2005; Hajibabaei *et al.*, 2006); eso explicaría la razón por la cual hay un elevado porcentaje de electroferogramas fallidos en *matK* (33%) (Tabla 5) y también la causa por la cual en ejemplares de más de 20 años de ser colectados no pudo secuenciarse este marcador (Fig. 4).

Aunque en el análisis de regresión entre la edad del espécimen y la longitud de la secuencia no hay relación significativa, esto puede deberse a la falta de un muestreo homogéneo

por años, ya que mayoritariamente se obtuvieron muestras de ejemplares herborizados recientemente (6 ó 7 años de antigüedad) (Fig. 4).

En este estudio no se encontraron diferencias significativas entre el uso de material herborizado o secado en gel de sílice para generar códigos de barras genéticos de especies arbóreas. Estos resultados implican una excelente noticia, es decir que los ejemplares de herbario que están en buenas condiciones (p. ej. hojas aún verdes) son una valiosa fuente de generación de códigos de barras de ADN (Kress y Erickson, 2007).

De este modo, la importancia de esta tesis radica en la confirmación de la posibilidad de generar códigos de barras genéticos a bajo costo y en un menor tiempo. Esto es principalmente porque al usar ejemplares de herbario no habrá la necesidad de realizar salidas de campo adicionales; o por ejemplo, de aquellas especies que son difíciles de conseguir en el campo se pueden utilizar los ejemplares ya existentes.

Un aporte más de esta tesis, es el conocer el desempeño de los marcadores moleculares, ya que de esta forma se pueden dirigir los recursos financieros y el tiempo sobre aquel que sea más eficiente; por ejemplo, si para *matK* se necesitan varios juegos de primers para tener un mayor éxito, esto implicará un aumento en el costo y trabajo adicional para obtener las secuencias, por lo que, en este caso *rbcL* al ser más fácil de obtener, tiene la ventaja de ser más económico que *matK*.

Discriminación taxonómica

La asignación taxonómica correcta a nivel de especie usando BLASTn de GenBank resultó ser muy baja para ambos marcadores tanto solos como en combinación (<20%) (Tabla 7). Esta situación también fue observada por Cabrera *et al.* (2011) para la flora de Calakmul, Campeche, México. La explicación de esto es la ausencia de secuencias de las especies de las selvas de nuestro país en las bases de datos de nucleótidos de GenBank, lo que da por resultado un bajo número de asignaciones correctas. Este es un de los primeros trabajos enfocados a generar este tipo de información para la flora arbórea tropical de México y para hacerla disponible a la sociedad en bases de datos públicas, como BOLDsystems y GenBank.

Los porcentajes de identificaciones correctas de especies usando BLAST en este trabajo son menores comparados con los obtenidos por Kress *et al.* (2009, 2010) los cuales llegan a más de 90% para *matK* y de 75% para *rbcL*. Sin embargo, ellos utilizaron sus propias secuencias

como base de datos de referencia para realizar el BLAST, en su base incluyeron más de una muestra por especie y utilizaron material colectado fresco.

Los resultados de Kress *et al.* (2009, 2010) muestran que si una base de datos de secuencias de una área geográfica está suficientemente completa, se puede utilizar el BLAST como una efectiva herramienta de identificación de especies. Si estos autores hubieran comparado sus secuencias contra las de referencia en GenBank, es posible que hubieran obtenido resultados similares a los del presente estudio, por tratarse de áreas con gran diversidad que aún no están inventariadas genéticamente.

Con esta misma herramienta, la asignación taxonómica de los géneros se pudo hacer correctamente en un porcentaje más elevado que las especies (66%), y las familias se identificaron casi en su totalidad (98%) (Tabla 7). De igual modo, estos datos se asemejan a los de Cabrera *et al.* (2011) y de Kress *et al.* (2010). En este caso, se puede afirmar que en la base de datos de GenBank están mejor representados los géneros y las familias pero la representación es insuficiente a nivel de especie, lo cual es totalmente lógico, si se toma en cuenta que la colecta y conocimiento de especies es todavía incompleta.

Por otro lado, en los análisis de distancia genética no existe una medida universal para determinar el límite de divergencia que separa una especie de otra. Hebert *et al.* (2003) propusieron que establecer umbrales basándose en los datos de distancia puede ser una medida útil para delimitar especies ya que cuando existe traslape entre las distancias intra- e interespecíficas, no hay un límite natural sobre el cual tomar decisiones. En este trabajo se pudo constatar que con umbrales de distancia cercanos a cero (Tabla 12, Apéndice C), con esta medida se pueden identificar las especies de varios grupos taxonómicos (Figs. 8, 9 y 10).

Al seguir un criterio de evaluación muy conservador sobre las distancias genéticas (Wilson *et al.*, 2011), la capacidad de discriminación de las especies utilizando marcadores moleculares ha sido relativamente baja (*ca.* 40%) en el contexto del presente trabajo. Sin embargo, existen diferentes aspectos metodológicos y biológicos que se tienen que considerar cuando la capacidad de discriminación taxonómica se ve limitada, los cuales se explicaran en los siguientes párrafos.

El factor que más influyó sobre estos resultados fue la carencia de varias muestras de individuos por especie. Se ha señalado reiteradamente que, para cualquier método usado, el éxito

se incrementa al aumentar el número de secuencias de referencia por especie (Meyer y Paulay, 2005; Ross *et al.*, 2008; Meier *et al.*, 2008). Estos métodos de evaluación están enfocados en probar cuántas especies se asignarían correctamente a la base de datos generada si se trataría cada una como desconocida, por lo que tiene que haber al menos una secuencia de referencia y la otra de prueba (Ross *et al.*, 2008).

Dentro de las muestras aquí obtenidas, sólo para el 62% de las especies se analizaron dos individuos. Después, por fallas en la secuenciación, esta cantidad se redujo un 10% aproximadamente, por lo que la posibilidad de discriminar especies correctamente, bajo un criterio estricto, se redujo a alrededor del 50%.

En una evaluación menos estricta, con el conjunto de secuencias totales fue posible determinar que el 77% de las especies aquí incluidas (Tabla 9), presentan una distancia genética suficiente (arriba del umbral 0.37%) con *rbcL+ matK*, para ser diferenciadas de su vecino más cercano. Aunque esto no implica que las secuencias sin conoespecífico puedan asignarse a una especie concreta, si puede hipotetizarse que podrían ser especies independientes además de ser asignadas a un nivel taxonómico más alto como género o familia.

A nivel general, los estudios con enfoque florístico (Gonzalez *et al.*, 2009; Hollingsworth *et al.*, 2009; Costion *et al.*, 2011), indican que la discriminación correcta de especies a partir de métodos de distancia genética se sitúa alrededor del 70%, si se usan varias muestras por individuo. Por otro lado, Cabrera *et al.* (2011) y Tyagi *et al.* (2011), quienes trabajaron con la flora de una selva en el sureste de México y con la flora arbórea de una selva tropical de la India respectivamente, reportan resultados preliminares con un éxito no mayor al 40% en análisis de distancia genética. Aunque estos resultados aún están en fase de interpretación, Tyagi *et al.* (2011) mencionan que el número de registros tiene un efecto profundo en la resolución de sus especies.

Independientemente de los factores metodológicos que limitan la capacidad de discriminación de las especies, los factores biológicos son la posible explicación de la falta de discriminación en aquellas especies con distancias interespecíficas iguales a las intraespecíficas. Aunque en este trabajo la mayoría de las distancias interespecíficas fueron mayores que las intraespecíficas (Tabla 12) es importante señalar los casos contrarios.

Es difícil saber, de entre un número de características, cual es la causa exacta de la falta de discriminación entre especies (Hollingsworth *et al.*, 2010). En principio, las tasas de

substitución en ADN de plástidos son un cuarto de las tasas observadas en el ADN nuclear de las plantas (Newmaster *et al.*, 2006). El gen *rbcL* está relativamente conservado respecto a otros genes plastídicos (Chase *et al.*, 2005), es decir, presenta poca variación genética y de hecho ha sido bien documentado que su capacidad de discriminación a nivel específico es baja (Hollingsworth *et al.*, 2009). Y aunque *matK* tiene una tasa de substitución dos a tres veces mayor que *rbcL* (Newmaster *et al.*, 2006) en el caso del presente estudio *matK* obtuvo el porcentaje más bajo en la discriminación correcta de especies (Tabla 9).

A nivel general se ha documentado que las especies leñosas son fundamentalmente problemáticas a causa de los grandes tiempos generacionales, tasas desiguales de diversificación y/o la radiación reciente (Hollingsworth *et al.*, 2010). Otros aspectos que pueden afectar la discriminación de las especies son la hibridación, intervalos desiguales de diversificación, evolución convergente, entre otros (Spooner, 2009). Casos notables de fallas en la asignación correcta de especies son los géneros más diversificados (Kress *et al.*, 2009; Gonzalez *et al.*, 2009). Por ejemplo, los géneros *Ficus*, *Inga*, *Nectandra*, *Lonchocarpus*, *Ocotea*, *Eugenia* y *Cupania*, son parte de los géneros mejor representados, por su número de especies, en la flora arbórea del dosel en México (Wendt, 1993). Interesantemente también fueron algunos de los géneros en que no se pudieron distinguir una o más especies en esta tesis, en uno o en todos los análisis de distancia (Figs. 8, 9 y 10). Además en aquellos en los que se buscaron caracteres únicos (Tabla 12), no se tuvo éxito, excepto para dos especies del género *Inga*.

El género *Inga*, por ejemplo, es un grupo en el cual se ha documentado un proceso de especiación reciente. De acuerdo con Richardson *et al.* (2001), al estimar tiempos de divergencia con relojes moleculares con ITS, el tiempo de divergencia del género *Inga* respecto a otras leguminosas es de 9.8 millones de años (m.a.). Este tiempo es corto, si se compara con los 100 m.a. que se han propuesto como tiempo de origen para las selvas tropicales (Stebbins, 1974). Sin embargo, esta situación no debe generalizarse a todos los grupos con dificultades de discriminación, puesto que cada uno de ellos tiene sus particularidades evolutivas que podrían explicar la baja distinción de sus especies.

Lo cierto es que cuando el conjunto de muestras se reduce a un área geográfica, como la EBTLT, los niveles de discriminación de especies han sido altos (Kress *et al.*, 2009, 2010) debido a que no todos los parientes cercanos de un grupo de especies se encuentran establecidos en dicha área de estudio, sobre todo si se trata de un enfoque florístico (Gonzalez *et al.*, 2009;

Hollingsworth *et al.*, 2010). Esto explica porque la máxima distancia interespecífica total fue de 26% y porque muchas de las especies incluídas en este estudio tienen variación suficiente para distinguirlas de su vecino más cercano, independientemente del número de muestras secuenciadas ya que la mayoría de los géneros arbóreos presentes en la EBTLT están representados por una o dos especies, de acuerdo con el listado de Ibarra-Manríquez *et al.*, (1997).

Por esta misma razón, Kuzmina *et al.*, (2011) sugieren que si la flora del estudio es muy diversa, el análisis se debe enfocar en la región molecular estandarizada con el éxito más alto en secuenciación, preferentemente *rbcL* ya que este enfoque reduce los costos e incrementa la eficiencia del código de barras.

Un aspecto muy importante a considerar, es que mientras no se pueda identificar la especie a la que pertenece una secuencia desconocida, ésta puede ser asignada a algún nivel taxonómico más alto como género o familia, por lo que es muy importante que exista un buen trabajo taxonómico que respalde la clasificación del grupo en cuestión. En caso de que los grupos sean monofiléticos, las asignaciones serán más confiables en estos niveles. Por el contrario, en los grupos polifiléticos o parafiléticos, esta aproximación será poco útil para la identificación, ya que, por ejemplo, podrían estar agrupados en una misma rama del árbol especies de géneros distintos, o bien puede haber un grupo de especies congénéricas con la falta de alguno de sus miembros, porque se agrupó en otra rama del árbol (Ross *et al.*, 2008; Pettengil y Neel, 2010; Wilson *et al.*, 2011).

De este modo, una identificación a nivel de género o familia puede ser suficientemente útil en varios aspectos tales como: identificación de material juvenil, material estéril o fragmentos de plantas; o en casos de completo desconocimiento, es posible dirigir el uso de claves dicotómicas o la consulta de un experto para obtener una identificación final si fuera requerida, entre otras (Hollingsworth *et al.*, 2010).

Por ello, se puede señalar que la aplicación más relevante y novedosa del código de barras genético es la identificación de muestras que están completamente fragmentadas como pueden ser: productos herbolarios, alimentos procesados, semillas, contenidos digestivos, entre otros; ya que dichas muestras no podrían ser identificadas aún por expertos. Mientrás que uno de los aportes más significativos del código de barras es su contribución en los inventarios de biodiversidad con fines de conservación, especialmente de sitios megadiversos y con mayores

amenazas como es el caso de las selvas húmedas tropicales. Utilizando las herramientas moleculares junto con el conocimiento morfológico puede hacer que las investigaciones en el tema de conservación se produzcan más rápidamente.

Finalmente, dentro de las posibles soluciones para aumentar la capacidad de discriminación de especies, en caso de ser requerido, es el uso de un tercer marcador. Particularmente se propone el uso de ITS por ser un marcador nuclear con una elevada variabilidad y buena capacidad de discriminación a nivel específico (Hollingsworth, 2011). Además este marcador es parte de los códigos de barras de ADN universales (Schoch *et al.*, 2012). Sin embargo, el ITS puede presentar problemas de secuenciación tales como copias parálogas divergentes entre individuos o tiene el peligro de contaminación por hongos cuando se trabaja con material de herbario, sobre todo endofíticos (Hollingsworth, *et al.*, 2011).

Además, Kress *et al.*, 2009 han propuesto el espaciador intergénico *trnH-psbA* como un marcador que se adapta bien a los requerimientos del código de barras. Se podría usar solo o en combinación con *rbcL* o *matK*. Sin embargo, el uso combinado de más marcadores plastídicos no es recomendable porque se ha demostrado que por más marcadores que se usen, llega el momento en que la discriminación no aumenta (Fazekas *et al.*, 2009; Kress *et al.*, 2010)

Por otro lado, se espera que en un futuro la secuenciación de genomas sea una herramienta molecular muy útil para la identificación de especies. Por el momento existen factores que limitan su uso como los elevados costos, el requerimiento de ADN de elevada calidad y cantidad, así como recursos computacionales que puedan soportar grandes cantidades de datos (Kane *et al.*, 2012). Sin embargo, se comienzan a realizar investigaciones y se ha podido demostrar que, por ejemplo, el uso de genomas completos puede ayudar a identificar muestras abajo del nivel específico (variedades, subespecies) y puede ser útil en distinguir patrones filogeográficos (Kane *et al.*, 2012).

CONCLUSIONES

En este trabajo fue posible generar 187 códigos de barras para 124 especies que sientan la base de una biblioteca de secuencias de referencia para la identificación de especies arbóreas de la EBTLT y de áreas aledañas en la Reserva de Los Tuxtlas. Esta base podrá consultarse en el futuro próximo, a través del portal de BOLD Systems y de GenBank.

Los resultados de esta tesis muestran que sí es factible generar códigos de barras de ADN a partir de especímenes de herbario; siempre y cuando los ejemplares se encuentren en buenas condiciones (p. ej. hojas aún verdes). Esto significa que los ejemplares pueden ser un recurso de material útil para establecer las bibliotecas de referencia de secuencias de ADN y pueden usarse especialmente en los casos que es difícil tener acceso a material colectado fresco, p. ej. especies raras o localizadas en áreas con dificultades para ingresar. Otras ventajas de usar material herborizado es que ya está colectado e identificado por especialistas.

Los marcadores moleculares *rbcL* y *matK* presentaron diferencias en cuanto a su factibilidad técnica para ser obtenidos, *rbcL* tuvo un mejor funcionamiento al ser obtenido en un mayor porcentaje.

En este estudio fue posible discriminar el 40% de las especies secuenciadas, este porcentaje bajo se debe principalmente a la insuficiencia del muestreo. Por ello, para tener una mayor certeza de la discriminación de las especies, es preciso que al realizar estudios de códigos de barras de ADN se tenga más de una muestra por especie, incluso más de dos en el caso de que fallara alguna de las muestras por problemas técnicos.

En aquellos grupos de árboles en que los marcadores *rbcL* y *matK* no fueron suficientemente variables para discriminarlos, se podrían usar otros marcadores como el ITS o el *trnH-psbA* para obtener mayor capacidad de discriminación. Asimismo, se pueden usar diferentes métodos analíticos para poner a prueba la distinción de las especies dadas.

En esta tesis se concluye que el código de barras es una herramienta que rebasa los límites normales de identificación al ser útil especialmente en identificar muestras fragmentarias como semillas o productos herbolarios que de otra forma serían muy difíciles de identificar.

Por último, el código de barras puede contribuir en la mejora de la tarea de identificación taxonómica de muestras biológicas. Sin embargo, es preciso que el trabajo taxonómico en todos sus campos continúe incrementando sus esfuerzos y siga formando más especialistas, ya que sin ese trabajo el código de barras de ADN no podría estar respaldado por una taxonomía sólida.

APÉNDICE A. Listado de los ejemplares utilizados en el presente estudio

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Fabaceae	<i>Abarema idiopoda</i>	(S.F. Blake) Barneby & J.W. Grimes	Eladio Velasco Sinaca	671	23/05/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido 1 de mayo	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Abarema idiopoda</i>	(S.F. Blake) Barneby & J.W. Grimes	Eladio Velasco Sinaca	747	28/08/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido Barrio Lerdo	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Acacia cornigera</i>	(L.) Willd.	Guillermo Ibarra Manríquez	586	01/05/1983	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Acacia cornigera</i>	(L.) Willd.	Guillermo Ibarra Manríquez	1466	27/04/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Acacia hayesii</i>	Benth.	Vania Corona	107			Los Tuxtlas		Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcL</i>
Fabaceae	<i>Acacia hayesii</i>	Benth.	Guillermo Ibarra Manríquez	1597	07/05/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Camino a laguna escondida, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Acacia mayana</i>	Lundell	Guillermo Ibarra Manríquez	1423	30/03/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcL</i>
Fabaceae	<i>Acacia mayana</i>	Lundell	Guillermo Ibarra Manríquez	1449	03/04/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Euphorbiaceae	<i>Acalypha skutchii</i>	I.M. Johnst.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6175	07/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	<i>rbcL</i>
Verbenaceae	<i>Aegiphila costaricensis</i>	Moldenke	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6201	11/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	<i>rbcL+matK</i>
Verbenaceae	<i>Aegiphila costaricensis</i>	Moldenke	Eladio Velasco Sinaca	596	18-mar-05	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	Contaminación
Fabaceae	<i>Albizia tomentosa</i>	(Micheli) Standl.	Pilar Mendoza	99	25/09/2002		San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcL</i>
Fabaceae	<i>Albizia tomentosa</i>	(Micheli) Standl.	Álvaro Campos Villanueva	5887	21/05/2003	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, Camino a Balzapote	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcL</i>
Sapindaceae	<i>Allophylus campostachys</i>	S.F. Blake	Braulio Gómez Chagala	94	10/10/2004	Braulio Gómez Chagala	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcL</i>
Ulmaceae	<i>Ampelocera hottlei</i>	(Standl.) Standl.	Eladio Velasco Sinaca	599	22/03/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Bignoniaceae	<i>Amphitecna tuxtensis</i>	A.H. Gentry	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6173	07/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	<i>rbcL+matK</i>
Bignoniaceae	<i>Amphitecna tuxtensis</i>	A.H. Gentry	Eladio Velasco Sinaca	586	03/03/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío.	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Andira galeottiana</i>	Standl.	Álvaro Campos Villanueva	6761	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Tebanca	Silice	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Andira galeottiana</i>	Standl.	Álvaro Campos Villanueva	6870	28/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Soteapan	Brecha a Ocotal Grande y Texizapan	Silice	<i>rbcL+matK</i>

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Malvaceae	<i>Apeiba tibourbou</i>	Aubl.	Álvaro Campos Villanueva	6847	28/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Soteapan	Brecha a Ocotal Grande y Texizapan	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Malvaceae	<i>Apeiba sp.</i>	Aubl.	Álvaro Campos Villanueva	6816	21/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Pozolapan	Silice	<i>rbcl</i>
Rubiaceae	<i>Arachnothyx buddleioides</i>	(Benth.) Planch.	Eladio Velasco Sinaca	537	17/01/2005	Attila L. Borhidi	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Primulaceae	<i>Ardisia compressa</i>	Kunth	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6210	12/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	Catemaco	Rancho Basura, 5 km al NO de Sontecomapan.	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Primulaceae	<i>Ardisia compressa</i>	Kunth	Eladio Velasco Sinaca	632	27/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Fabaceae	<i>Bauhinia divaricata</i>	Lam.	Álvaro Campos Villanueva	5605	16/05/2000	Rafael Torres Colín	San Andrés Tuxtla	Camino a Playa Escondida, 2 km al sur de la EBTLT	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Bauhinia divaricata</i>	Lam.	Álvaro Campos Villanueva	5812	28/04/2002	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Cerro Balzapote, 6 km al N de la EBTLT	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Lauraceae	<i>Beilschmiedia sp.</i>	Nees	Álvaro Campos Villanueva	6821	25/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Ejido Adolfo Ruiz Cortínez	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Lauraceae	<i>Beilschmiedia sp.</i>	Nees	Álvaro Campos Villanueva	6831	25/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Ejido Adolfo Ruiz Cortínez	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Moraceae	<i>Brosimum alicastrum</i>	Sw.	Eladio Velasco Sinaca	580	22/02/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Moraceae	<i>Brosimum alicastrum</i>	Sw.	Álvaro Campos Villanueva	6756	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Carretera Sontecomapan-Montepío	Silice	<i>rbcl</i>
Malpighiaceae	<i>Bunchosia lindeniana</i>	A. Juss	Eladio Velasco Sinaca	593	12/03/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Malpighiaceae	<i>Bunchosia lindeniana</i>	A. Juss	Eladio Velasco Sinaca	661	03/05/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Por la cima del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Icacinaceae	<i>Calatola costaricensis</i>	Standl.	Eladio Velasco Sinaca	672	23/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	Ninguno
Icacinaceae	<i>Calatola costaricensis</i>	Standl.	Eladio Velasco Sinaca	680	19/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	Ninguno
Calophyllaceae	<i>Calophyllum brasiliense</i>	Cambess.	Braulio Gómez Chagala	75	02/2002		San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (MEXU)	<i>rbcl (matK contaminado)</i>
Calophyllaceae	<i>Calophyllum brasiliense</i>	Cambess.	Eladio Velasco Sinaca	123	09/12/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Myrtaceae	<i>Calyptanthes chiapensis</i>	Lundell	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6223	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Intersección veredas Vigía 5 y Vigía 1. Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Myrtaceae	<i>Calyptanthes chiapensis</i>	Lundell	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6224	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Intersección veredas Vigía 5 y Vigía 1. Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Capparaceae	<i>Cappariastrum mollicellum</i>	(Standl.) Comejo & Iltis, ined.	Eladio Velasco Sinaca	656	17/05/2005	Hugh Iltis	San Andrés Tuxtla	Lote 72, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Capparaceae	<i>Cappariastrum mollicellum</i>	(Standl.) Comejo & Iltis, ined.	Eladio Velasco Sinaca	721	12/08/2005	Hugh Iltis	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Capparaceae	<i>Cappariastrum tuxtliensis</i>	Comejo & Iltis, ined.	Eladio Velasco Sinaca	714	03/08/2005	Hugh Iltis	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío,	Herbario (MEXU)	
Rutaceae	<i>Casimiroa sapota</i>	Oerst.	Eladio Velasco Sinaca	760	29/07/2005	Fernando Chiang	San Andrés Tuxtla	Ejido Calería, por la antena, por Ejido Ruiz Cortínez, Faldas del Volcán San Martín	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Solanaceae	<i>Cestrum glanduliferum</i>	Francey	Eladio Velasco Sinaca	667	14/04/2005	Mike Nee	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Rutaceae	<i>Casimiroa sapota</i>	Oerst.	Eladio Velasco Sinaca	760	29/07/2005	Fernando Chiang	San Andrés Tuxtla	Ejido Caleria, por la antena, por Ejido Ruiz Cortínez, Faldas del Volcán San Martín	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Solanaceae	<i>Cestrum glanduliferum</i>	Francey	Eladio Velasco Sinaca	667	14/04/2005	Mike Nee	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Solanaceae	<i>Cestrum racemosum</i>	Ruiz & Pav.	Eladio Velasco Sinaca	566	19/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Camino al poblado de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Solanaceae	<i>Cestrum racemosum</i>	Ruiz & Pav.	Eladio Velasco Sinaca	694	19/06/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Sapotaceae	<i>Chrysophyllum mexicanum</i>	Brandegee ex Standl.	Braulio Gómez Chagala	106	20/09/2004	Esteban Manuel Martínez Salas	San Andrés Tuxtla	Playa Escondida, 30 km de Catemaco a Montepío, desviando antes de la Estación	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Verbenaceae	<i>Citharexylum affine</i>	D. Don	Álvaro Campos Villanueva	6743	17/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Carretera a Balzapote	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Verbenaceae	<i>Citharexylum affine</i>	D. Don	Álvaro Campos Villanueva	6920	31/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío.	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Verbenaceae	<i>Citharexylum hexangulare</i>	Greenm.	Eladio Velasco Sinaca	687	16/06/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido 1 de Mayo, faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Moraceae	<i>Clarisia biflora</i>	Ruiz & Pav.	Eladio Velasco Sinaca	708	20/07/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Clethraceae	<i>Clethra aff. pringlei</i>	S. Watson	Eladio Velasco Sinaca	698	21/06/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	Contaminación
Clethraceae	<i>Clethra aff. pringlei</i>	Ruiz & Pav.	Álvaro Campos Villanueva	6939	01/06/2010		Catemaco	Tebanca	Silice	
Polygonaceae	<i>Coccoloba hondurensis</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	121	08/12/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Polygonaceae	<i>Coccoloba hondurensis</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	718	01/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	Contaminación
Fabaceae	<i>Cojoba arborea</i>	(L.) Britton & Rose	Álvaro Campos Villanueva	5872	28/03/2003	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Cojoba arborea</i>	(L.) Britton & Rose	Guillermo Ibarra Manríquez	1919	30/07/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Cojoba recordii</i>	Britton & Rose	Álvaro Campos Villanueva	5235A	17/02/1997	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Camino a Playa Escondida, 3 km al sur de la EBTLT	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Cojoba recordii</i>	Britton & Rose	Santiago Sinaca Colín	941	14/09/1986	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Ejido Balzapote, 3km NO de la Estación de Biología	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Melastomataceae	<i>Conostegia icosandra</i>	(Sw. ex Wikstr.) Urb.	Eladio Velasco Sinaca	763	26/07/2005	Fabian Michelangeli	San Andrés Tuxtla	Ejido Ruiz Cortínez	Herbario (MEXU)	<i>matK</i>
Melastomataceae	<i>Conostegia xalapensis</i>	(Kunth) G. Don ex DC.	Braulio Gómez Chagala	92	19/10/2004	Braulio Gómez Chagala	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Boraginaceae	<i>Cordia alliodora</i>	(Ruiz & Pav.) Oken	Braulio Gómez Chagala	104	03/09/2004	Braulio Gómez Chagala	Catemaco	La Palma, 25 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Boraginaceae	<i>Cordia stellifera</i>	I.M. Johnst.	Eladio Velasco Sinaca	696	20/06/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Capparaceae	<i>Crataeva tapia</i>	L.	Álvaro Campos Villanueva	6755	17/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Balzapote, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Capparaceae	<i>Crataeva tapia</i>	L.	Eladio Velasco Sinaca	618	04/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	Contaminación
Euphorbiaceae	<i>Croton draco</i>	Schlttd. & Cham.	Eladio Velasco Sinaca	675	24/05/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Euphorbiaceae	<i>Croton schiedeanus</i>	Schlttd.	Braulio Gómez Chagala	81	09/02		San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío		
Euphorbiaceae	<i>Croton schiedeanus</i>	Schlttd.	Eladio Velasco Sinaca	116	02/12/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Sapindaceae	<i>Cupania belizensis</i>	Standl.	Rosamond Coates	50	03/03/2005	Braulio Gómez Chagala	San Andrés Tuxtla	Finca La Iguana, Balzapote	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Sapindaceae	<i>Cupania glabra</i>	Sw.	Eladio Velasco Sinaca	769	14/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Sapindaceae	<i>Cupania glabra</i>	Sw.	Eladio Velasco Sinaca	771	10/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Annonaceae	<i>Cymbopetalum baillonii</i>	R.E. Fr.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6199	10/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Circuito 1. Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Annonaceae	<i>Cymbopetalum baillonii</i>	R.E. Fr.	Álvaro Campos Villanueva	6785	23/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Benito Juárez	Silice	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Cynometra retusa</i>	Britton & Rose	Eladio Velasco Sinaca	605	27/03/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Cynometra retusa</i>	Britton & Rose	Álvaro Campos Villanueva	6027	24/03/2004	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Circuito 1, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Dalbergia brownei</i>	(Jacq.) Schinz	Álvaro Campos Villanueva	5414	19/04/1999	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Sontecomapan, 19 km al N de Catemaco	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Dalbergia brownei</i>	(Jacq.) Schinz	Álvaro Campos Villanueva	6008	14/07/2004	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Carretera Sontecomapan-Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Dalbergia glomerata</i>	Hemsl.	Eladio Velasco Sinaca	772	14/04/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Cerro Talabagata	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Dalbergia glomerata</i>	Hemsl.	Argelia Díaz	Díaz13	16/07/1994		San Andrés Tuxtla	Ejido Balzapote, 5km SE de la Estación de Biología	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Thymelaeaceae	<i>Daphnopsis megacarpa</i>	Nevling & Barringer	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6217	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Thymelaeaceae	<i>Daphnopsis megacarpa</i>	Nevling & Barringer	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6220	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Primulaceae	<i>Deherainia smaragdina</i>	(Planch. ex Linden) Decne.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6227	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Cima Cerro El Vigía. Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	rbcl+matK
Primulaceae	<i>Deherainia smaragdina</i>	(Planch. ex Linden) Decne.	Eladio Velasco Sinaca	630	19/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Vigía 5, Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Araliaceae	<i>Dendropanax arboreus</i>	(L.) Decne. & Planch.	Braulio Gómez Chagala	97	19/10/2004	Braulio Gómez Chagala	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Fabaceae	<i>Dialium guianense</i>	(Aubl.) Sandwith	Pilar Mendoza	122	01-sep-02		San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Dialium guianense</i>	(Aubl.) Sandwith	Guillermo Ibarra Manríquez	1964	12/09/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Ebenaceae	<i>Diospyros digyna</i>	Jacq.	Álvaro Campos Villanueva	6766	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Tebanca	Silice	rbcl+matK
Ebenaceae	<i>Diospyros digyna</i>	Jacq.	Álvaro Campos Villanueva	6776	19/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Balzapote	Silice	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Diphysa americana</i>	(Mill.) M. Sousa	Braulio Gómez Chagala	110	21/09/2004	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Playa Escondida, 30 km de Catemaco a Montepío, desviando antes de la Estación	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Dussia mexicana</i>	(Standl.) Harms	Eladio Velasco Sinaca	109	25/11/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, km 32 de la carr. Catemaco-Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Fabaceae	<i>Dussia mexicana</i>	(Standl.) Harms	Eladio Velasco Sinaca	695	20/06/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Fabaceae	<i>Erythrina folkersii</i>	Krukoff & Moldenke	Guillermo Ibarra Manríquez	740	20/07/1983	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Erythrina folkersii</i>	Krukoff & Moldenke	Eladio Velasco Sinaca	584	04/03/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Myrtaceae	<i>Eugenia acapulcensis</i>	Steud.	Eladio Velasco Sinaca	558	27/01/2005	Lucia Kawasaki	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Myrtaceae	<i>Eugenia acapulcensis</i>	Steud.	Eladio Velasco Sinaca	710	22/07/2005	Lucia Kawasaki	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Myrtaceae	<i>Eugenia capuli</i>	(Schltdl. & Cham.) Hook. & Arn.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6212	12/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	Catemaco	Rancho Basura, 5 km al NO de Sontecomapan.	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Myrtaceae	<i>Eugenia capuli</i>	(Schltdl. & Cham.) Hook. & Arn.	Eladio Velasco Sinaca	541	27/01/2005	Lucia Kawasaki	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Myrtaceae	<i>Eugenia colipensis</i>	O. Berg	Eladio Velasco Sinaca	768	29/07/2005	Fred Barrie	San Andrés Tuxtla	Ejido Caleria, por la antena, por Ejido Ruiz Cortínez, Faldas del Volcán San Martin	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Myrtaceae	<i>Eugenia karwinskyana</i>	O. Berg	Eladio Velasco Sinaca	703	11/07/2005	Fred Barrie	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Myrtaceae	<i>Eugenia macrocarpa</i>	Schltdl. & Cham.	Eladio Velasco Sinaca	724	13/08/2005	Lucia Kawasaki	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Rubiaceae	<i>Faramea occidentalis</i>	(L.) A. Rich.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6174	07/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	<i>rbcl</i>
Rubiaceae	<i>Faramea occidentalis</i>	(L.) A. Rich.	Eladio Velasco Sinaca	118	06/12/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Moraceae	<i>Ficus eugeniaefolia</i>	(Liebm.) Hemsl.	Eladio Velasco Sinaca	616	03/04/2006	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Moraceae	<i>Ficus pertusa</i>	L.f.	Eladio Velasco Sinaca	535	13/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Borde del camino a Montepío, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Moraceae	<i>Ficus yoponensis</i>	Desv.	Braulio Gómez Chagala	102	02/09/2004	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	La Palma, 25 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Clusiaceae	<i>Garcinia intermedia</i>	(Pittier) Hammel	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6198	10/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Circuito 1. Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Clusiaceae	<i>Garcia intermedia</i>	(Pittier) Hammel	Eladio Velasco Sinaca	637	14/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Gliricidia sepium</i>	(Jacq.) Kunth ex Walp.	Guillermo Ibarra Manríquez	487	01/03/1983	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Desviación al ejido Lázaro Cárdenas	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Gliricidia sepium</i>	(Jacq.) Kunth ex Walp.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6208	04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico. Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Fabaceae	<i>Gliricidia sepium</i>	(Jacq.) Kunth ex Walp.	Eladio Velasco Sinaca	613	01/04/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Camino al poblado de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl+matK</i>
Meliaceae	<i>Guarea glabra</i>	Vahl	Eladio Velasco Sinaca	742	28/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Meliaceae	<i>Guarea glabra</i>	Vahl	Braulio Gómez Chagala	114	21/09/2004	Esteban Manuel Martínez Salas	San Andrés Tuxtla	Ejido Dos de Abril, 1 km N de Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcl</i>
Rubiaceae	<i>Hamelia longipes</i>	Standl.	Gerardo Salazar Chávez, Karen Hernández Esquivel, Eladio Velasco Sinaca y Armando Aguirre	8013	12/07/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío,	Silice	<i>rbcl+matK</i>

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Rubiaceae	<i>Hamelia patens</i>	Jacq.	Álvaro Campos Villanueva	6857	28/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Soteapan	Brecha a Ocotil Grande y Texizapan	Silice	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Hampea nutricia</i>	Fryxell	Eladio Velasco Sinaca y Braulio Gómez Chagala	25	02/2002		San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Hampea nutricia</i>	Fryxell	Braulio Gómez Chagala	91	19/10/2004	Braulio Gómez Chagala	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Chloranthaceae	<i>Hedyosmum mexicanum</i>	C. Cordem.	Eladio Velasco Sinaca	688	16/06/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	Contaminación
Tiliaceae	<i>Heliocharpus donnell-smithii</i>	Rose	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6184	09/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl
Tiliaceae	<i>Heliocharpus donnell-smithii</i>	Rose	Eladio Velasco Sinaca	563	01/02/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Aquifoliaceae	<i>Ilex quercetorum</i>	I.M. Johnst.	Eladio Velasco Sinaca	730	15/08/2005	Jorge Calónico	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Aquifoliaceae	<i>Ilex quercetorum</i>	I.M. Johnst.	Eladio Velasco Sinaca	741	24/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido Barrio Lerdo	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Aquifoliaceae	<i>Ilex valeri</i>	Standl.	Eladio Velasco Sinaca	641	10/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Aquifoliaceae	<i>Ilex valeri</i>	Standl.	Braulio Gómez Chagala	118	23/09/2004	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Fabaceae	<i>Indigofera suffruticosa</i>	Mill.	Refugio Zedillo	3612	23/04/1986	C. Soto Esparza	San Andrés Tuxtla	Km 29 de la carretera Catemaco-Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Indigofera suffruticosa</i>	Mill.	Guillermo Ibarra Manríquez	3037	06/03/1987	Oswaldo Téllez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga acrocephala</i>	Steud.	Eladio Velasco Sinaca	733	16/08/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Inga acrocephala</i>	Steud.	Braulio Gómez Chagala	128	20/10/2004	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Vigía 5, Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Inga aestuariorum</i>	Pittier	Refugio Zedillo	3910	03/10/1989	Guillermo Ibarra Manríquez	Catemaco	Dos Amates, 10 km al NE de Catemaco	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga aestuariorum</i>	Pittier	Guillermo Ibarra Manríquez	3394	23/05/1989	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga lactifera</i>	M. Sousa	Eladio Velasco Sinaca	767	27/06/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Inga nobilis</i>	Willd.	Eladio Velasco Sinaca	538	18/01/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Inga nobilis</i>	Willd.	Refugio Zedillo	2744	08/05/1984	C. Soto Esparza	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga paterno</i>	Harms	Vania Corona	120	01/01/2009		Catemaco	Las Margaritas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga paterno</i>	Harms	Braulio Gómez Chagala	113	21/09/2004	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Toro Prieto, 20 km al NW de Montepío por carretera en la costa	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Inga pavoniana</i>	D. Don	Álvaro Campos Villanueva	6529	22/11/2004	Mario Sousa Sánchez	Catemaco	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga pavoniana</i>	D. Don	Eladio Velasco Sinaca	104	15/04/1984	C. Soto Esparza	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Inga punctata</i>	Willd.	Refugio Zedillo	2716	15/04/1984	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Vigía 1, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Inga punctata</i>	Willd.	Refugio Zedillo	2871	15/11/1984	C. Soto Esparza	Catemaco	Rancho Sta. Catalina, 1 km al N de La Palma	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Inga sinacae</i>	M. Sousa & Ibarra-Manríquez	Eladio Velasco Sinaca	621	06/04/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (MEXU)	rbcl+matK

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Fabaceae	<i>Inga sinacae</i>	M. Sousa & Ibarra-Manríquez	Guillermo Ibarra Manríquez	217	13/07/1982	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga tuerckheimii</i>	Pittier	Eladio Velasco Sinaca	735	16/08/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido Barrio Lerdo	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Inga tuerckheimii</i>	Pittier	Álvaro Campos Villanueva	6888	29/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Soteapan	Brecha hacia el ejido Santa Marta	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Inga vera</i>	Willd.	Gerardo Salazar Chávez, Karen Hernández Esquivel, Eladio Velasco Sinaca y Armando Aguirre	8023	13/07/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Río Coxcuapan, Laguna de Sontecomapan	Silice	rbcl
Fabaceae	<i>Inga vera</i>	Willd.	Álvaro Campos Villanueva	6767	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Tebanca	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Leucaena leucocephala</i>	(Lam.) de Wit	Vania Corona	119	21/03/2009		Catemaco	Las Margaritas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Leucaena leucocephala</i>	(Lam.) de Wit	Argelia Díaz	116	02/07/1995	Oswaldo Téllez	San Andrés Tuxtla	Ejido Balzapote, 4 km al NE de la EBTLT	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Licaria triandra</i>	(Sw.) Kostermans	Braulio Gómez Chagala	105	20/09/2004	H. Van Der Werff	San Andrés Tuxtla	Playa Escondida, 30 km de Catemaco a Montepío, desviando antes de la Estación	Herbario (MEXU)	rbcl
Oleaceae	<i>Linociera domingensis</i>	(Lam.) Knobl.	Eladio Velasco Sinaca	691	28/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Lonchocarpus cruentus</i>	Lundell	Álvaro Campos Villanueva	6368	26/06/2005	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	La palma	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Lonchocarpus guatemalensis</i>	Benth.	Álvaro Campos Villanueva	6132	26/06/2005	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Lonchocarpus guatemalensis</i>	Benth.	Eladio Velasco Sinaca	679A	26/05/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl
Fabaceae	<i>Lonchocarpus luteomaculatus</i>	Pittier	Mario Sousa	13406	24/05/1996	Mario Sousa Sánchez	Catemaco	Sontecomapan, 18 km al N de Catemaco	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Lonchocarpus luteomaculatus</i>	Pittier	Álvaro Campos Villanueva	5436	25/06/1999	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Sontecomapan, 20 km al N de Catemaco	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Lonchocarpus robustus</i>	Pittier	Eladio Velasco Sinaca	571	14/02/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Lonchocarpus schiedeanus</i>	(Schltdl.) Harms	Álvaro Campos Villanueva	6468	26/06/2005	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Lonchocarpus schiedeanus</i>	(Schltdl.) Harms	Álvaro Campos Villanueva	6476	26/06/2005	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	3 de Mayo	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Lonchocarpus unifoliolatus</i>	Benth.	Eladio Velasco Sinaca	652	14/04/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Vigía 5, Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	Contaminada
Icacinaceae	<i>Mappia racemosa</i>	Jacq.	Eladio Velasco Sinaca	583	25/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Icacinaceae	<i>Mappia racemosa</i>	Jacq.	Eladio Velasco Sinaca	628	11/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Celastraceae	<i>Maytenus purpusii</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	582	24/01/2005	Douglas C. Daly	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Celastraceae	<i>Maytenus purpusii</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	612	28/03/2005	Douglas C. Daly	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Sabiaceae	<i>Meliosma alba</i>	(Schltdl.) Walp	Eladio Velasco Sinaca	638	14/04/2005	Douglas C. Daly	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de la carretera Catemaco-Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Sabiaceae	<i>Meliosma dentata</i>	(Liebm.) Urb.	Eladio Velasco Sinaca	729	15/08/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Melastomataceae	<i>Miconia argentea</i>	(Sw.) DC.	Álvaro Campos Villanueva	6848	28/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Soteapan	Brecha a Ocotál grande y Texizapan	Herbario (MEXU)	rbcl
Melastomataceae	<i>Miconia fulvostellata</i>	L.O. Williams	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6186	09/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silíce	rbcl
Monimiaceae	<i>Mollinedia butleriana</i>	Standl.	Eladio Velasco Sinaca	731	15/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido Barrio Lerdo	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Mortoniodendron guatemalense</i>	Standl. & Steyerl.	Eladio Velasco Sinaca	602	25/03/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Mortoniodendron guatemalense</i>	Standl. & Steyerl.	Braulio Gómez Chagala	116	23/09/2004	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Circuito 1, Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Myrtaceae	<i>Myrcia splendens</i>	(Sw.) DC.	Eladio Velasco Sinaca	725	14/08/2005	Lucía Kawasaki	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl
Urticaceae	<i>Myriocarpa longipes</i>	Liebm.	Gerardo Salazar Chávez, Karen Hernández Esquivel, Eladio Velasco Sinaca y Armando Aguirre	8015	12/07/2010		San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío,	Silíce	rbcl+matK
Urticaceae	<i>Myriocarpa longipes</i>	Liebm.	Eladio Velasco Sinaca	103	22/11/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Camino al poblado de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Lauraceae	<i>Nectandra ambigens</i>	(S.F. Blake) C.K. Allen	Álvaro Campos Villanueva	6757	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Sontecomapan	Silíce	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Nectandra ambigens</i>	(S.F. Blake) C.K. Allen	Eladio Velasco Sinaca	653	16/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío,	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Nectandra lundellii</i>	C.K. Allen	Eladio Velasco Sinaca	711	22/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Nectandra lundellii</i>	C.K. Allen	Braulio Gómez Chagala	117	23/09/2004	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Vigía 2, Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Nectandra salicifolia</i>	(Kunth) Nees	Eladio Velasco Sinaca	624	08/04/2005	Santiago Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Nectandra salicifolia</i>	(Kunth) Nees	Eladio Velasco Sinaca	745	26/08/2005	Armando Ponce Vargas	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido Barrio Lerdo	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Nectandra salicifolia</i>	(Kunth) Nees	Braulio Gómez Chagala	101	02/09/2004	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	La Palma, 25 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Ocotea bernoulliana</i>	Mez	Álvaro Campos Villanueva	6820	25/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Ejido Adolfo Ruiz Cortínez	Silíce	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Ocotea dendrodaphne</i>	Mez	Braulio Gómez Chagala	85	2002		San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío		
Lauraceae	<i>Ocotea dendrodaphne</i>	Mez	Eladio Velasco Sinaca	622	06/04/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Ocotea effusa</i>	(Meisn.) Hemsl.	Eladio Velasco Sinaca	639	01/05/2005	Armando Ponce Vargas	San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío,	Herbario (MEXU)	rbcl
Lauraceae	<i>Ocotea effusa</i>	(Meisn.) Hemsl.	Eladio Velasco Sinaca	707	20/07/2005	Armando Ponce Vargas	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Ocotea effusa</i>	(Meisn.) Hemsl.	Eladio Velasco Sinaca	743	25/08/2005	Armando Ponce Vargas	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido Revolución	Herbario (MEXU)	Ninguno

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Lauraceae	<i>Ocotea uxpanapana</i>	T. Wendt & van der Werff	Eladio Velasco Sinaca	570	06/02/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Ocotea verticillata</i>	Rohwer	Eladio Velasco Sinaca	594	12/03/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Lauraceae	<i>Ocotea verticillata</i>	Rohwer	Eladio Velasco Sinaca	654	04/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario	rbcl
Flacourtiaceae	<i>Olmediella betschleriana</i>	(Göpp.) Loes.	Eladio Velasco Sinaca	702	23/06/2005	Esteban Manuel Martínez Salas	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Ormosia panamensis</i>	Benth. ex Seem.	Santiago Sinaca Colín	356	12/12/1985	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Ormosia panamensis</i>	Benth. ex Seem.	Guillermo Ibarra Manríquez	3386	22/05/1989	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Violaceae	<i>Orthion oblanceolatum</i>	Lundell	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6215	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Violaceae	<i>Orthion oblanceolatum</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	587	04/03/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Pachira aquatica</i>	Aubl.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6214	12/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Laguna de Sontecomapan, cerca del embarque	Silice	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Pachira aquatica</i>	Aubl.	Álvaro Campos Villanueva	6746	17/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Carretera a Balzapote.	Silice	rbcl+matK
Rubiaceae	<i>Palicourea padifolia</i>	(Willd. ex Roem. & Schult.) C.M. Taylor & Lorence	Alejandro Torres Montufar	609	01/03/2010	Alejandro Torres Montufar	San Martin Tuxtla		Silice	Contaminación
Primulaceae	<i>Parathesis lenticellata</i>	Lundell	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6216	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl
Primulaceae	<i>Parathesis lenticellata</i>	Lundell	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6219	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Primulaceae	<i>Parathesis tenuis</i>	Standl.	Eladio Velasco Sinaca	734	16/08/2005		San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla, Ejido Barrio Lerdo	Herbario	rbcl+matK
Dipentodontaceae	<i>Perrottetia longistylis</i>	Rose	Eladio Velasco Sinaca	765	26/07/2005	Mike Nee	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martin Tuxtla	Herbario	Contaminación
Lauraceae	<i>Persea americana</i>	Mill.	Eladio Velasco Sinaca	579	22/02/2005	Armando Ponce Vargas	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario	rbcl+matK
Myrtaceae	<i>Pimenta dioica</i>	(L.) Merr.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6213	12/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	Catemaco	Rancho Basura, 5 km al NO de Sontecomapan.	Silice	rbcl+matK
Myrtaceae	<i>Pimenta dioica</i>	(L.) Merr.	Braulio Gomez Chagala	96	20/10/2004	Braulio Gómez Chagala	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario	rbcl+matK
Piperaceae	<i>Piper amalago</i>	L.	Eladio Velasco Sinaca	534	21/11/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario	rbcl+matK
Piperaceae	<i>Piper hispidum</i>	Sw.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6179	08/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Zygia peckii (Pithecellobium belicense)</i>	(B. L. Rob.) Britton & Rose	Guillermo Ibarra Manríquez	1827	30/06/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	Catemaco	Río Cuneapa 20 km al NE de Catemaco	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Pithecellobium hymenaeifolium</i>	(Humb. & Bonpl. ex Willd.) Benth.	Álvaro Campos Villanueva	6504	26/06/2005	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Río Tuxtla	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl+matK

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Fabaceae	<i>Pithecellobium hymenaeifolium</i>	(Humb. & Bonpl. ex Willd.) Benth.	Francisco de los Santos	16	11/07		San Andrés Tuxtla	, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario	matK
Fabaceae	<i>Platymiscium dimorphandrum</i>	Donn. Sm.	Eladio Velasco Sinaca	614	02/04/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Platymiscium dimorphandrum</i>	Donn. Sm.	Vania Corona	176	22/04/2009		Catemaco	Ejido López Mateos	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Flacourtiaceae	<i>Pleuranthodendron lindenii</i>	(Turcz.) Sleumer	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6194	09/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Flacourtiaceae	<i>Pleuranthodendron lindenii</i>	(Turcz.) Sleumer	Eladio Velasco Sinaca	677	25/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Rubiaceae	<i>Posoqueria latifolia</i>	(Rudge) Roem. & Schult.	Eladio Velasco Sinaca	572	31/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Rubiaceae	<i>Posoqueria latifolia</i>	(Rudge) Roem. & Schult.	Eladio Velasco Sinaca	617	04/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Moraceae	<i>Poulsenia armata</i>	(Miq.) Standl.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6188	09/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Moraceae	<i>Poulsenia armata</i>	(Miq.) Standl.	Eladio Velasco Sinaca	712	23/07/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Sapotaceae	<i>Pouteria rynchocarpa</i>	T.D. Penn.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6181	08/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Sapotaceae	<i>Pouteria rynchocarpa</i>	T.D. Penn.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6206	11/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Rosaceae	<i>Prunus tetradenia</i>	Koehne	Eladio Velasco Sinaca	685	15/06/2005	Jorge A. Pérez Zabala	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Rosaceae	<i>Prunus tetradenia</i>	Koehne	Eladio Velasco Sinaca	766	20/08/2005	Mike Nee	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Moraceae	<i>Pseudolmedia glabrata</i>	(Liebm.) C.C. Berg	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6177	08/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Moraceae	<i>Pseudolmedia glabrata</i>		Eladio Velasco Sinaca	604	17/03/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Moraceae	<i>Pseudolmedia glabrata</i>		Eladio Velasco Sinaca	655	16/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 72, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Rubiaceae	<i>Palicourea tetragona</i>	(Donn. Sm.) C.M. Taylor & Lorence	Eladio Velasco Sinaca	113	26/11/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Rubiaceae	<i>Palicourea faxlucens</i>	(Lorence & Dwyer) Lorence	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6171	07/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Rubiaceae	<i>Palicourea faxlucens</i>	(Lorence & Dwyer) Lorence	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6178	08/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Rubiaceae	<i>Psychotria limonensis</i>	K. Krause	Gerardo Salazar Chávez, Karen Hernández Esquivel, Eladio Velasco Sinaca y Armando Aguirre	8006	12/07/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, bajando hacia la laguna	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Fabaceae	<i>Pterocarpus rohrii</i>	Vahl	Álvaro Campos Villanueva	5597	16/05/2000	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Pterocarpus rohrii</i>	Vahl	Guillermo Ibarra Manríquez	1962	12/09/1984	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Malvaceae	<i>Quararibea funebris</i>	(La Llave) Standl.	Eladio Velasco Sinaca	127	16/12/2004	Attila L. Borhidi	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Mexu)	<i>rbcl</i>
Fagaceae	<i>Quercus corrugata</i>	Hook.	Eladio Velasco Sinaca	690	24/05/2005	Lucía Vázquez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (Mexu)	<i>rbcl+matK</i>
Rubiaceae	<i>Randia pterocarpa</i>	Lorence & Dwyer	Eladio Velasco Sinaca	750	28/08/2005	Santiago Sinaca Colín	San Andrés Tuxtla	Ejido Ruiz Cortínez	Herbario (Mexu)	<i>rbcl+matK</i>
Celastraceae	<i>Rhacoma eucymosa</i>	(Loes. & Pittier) Standl.	Eladio Velasco Sinaca	601	24/03/2005	Fernando Chiang	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Mexu)	Contaminación
Rhizophoraceae	<i>Rhizophora mangle</i>	L.	Gerardo Salazar Chávez, Karen Hernández Esquivel, Eladio Velasco Sinaca y Armando Aguirre	8026	13/07/2010	Gerardo Salazar Chávez	San Andrés Tuxtla	Laguna de Sontecomapan, en uno de los ríos	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Violaceae	<i>Rinorea guatemalensis</i>	(S. Watson) Bartlett	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6221	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Intersección veredas Vigía 5 y Vigía 1, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Violaceae	<i>Rinorea guatemalensis</i>	(S. Watson) Bartlett	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6222	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Intersección veredas Vigía 5 y Vigía 1, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Malvaceae	<i>Robinsonella mirandae</i>	Gómez Pompa	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6196	10/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Annonaceae	<i>Rollinia mucosa</i>	(Jacq.) Baill.	Eladio Velasco Sinaca	619	05/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Mexu)	<i>rbcl+matK</i>
Annonaceae	<i>Rollinia mucosa</i>	(Jacq.) Baill.	Álvaro Campos Villanueva	6771	19/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Balzapoté	Silice	<i>rbcl+matK</i>
Sapindaceae	<i>Sapindus saponaria</i>	L.	Eladio Velasco Sinaca	673	24/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (Mexu)	<i>rbcl</i>
Sapindaceae	<i>Sapindus saponaria</i>	L.	Álvaro Campos Villanueva	6811	21/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Pozolapan	Silice	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Senna multijuga</i> subsp. <i>doyle</i>	(Britton & Rose) H.S. Irwin & Barneby	Álvaro Campos Villanueva	6351	13/01/2008	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcl</i>
Fabaceae	<i>Senna multijuga</i> subsp. <i>doyle</i>	(Britton & Rose) H.S. Irwin & Barneby	Guillermo Ibarra Manríquez	226	09/08/1982	E. Aguirre	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Fabaceae	<i>Senna obtusifolia</i> * *Especie herbácea	(L.) H.S. Irwin & Barneby	Santiago Sinaca Colín	1916	12/03/1984	G. Flores F.	San Andrés Tuxtla	15 km al NE de la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Senna occidentalis</i>	(L.) Link	Guillermo Ibarra Manríquez	2798	15/01/1986	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Senna occidentalis</i>	(L.) Link	Guillermo Ibarra Manríquez	3152	15/09/1987	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Senna papillosa</i>	(Britton & Rose) H.S. Irwin & Barneby	Eladio Velasco Sinaca	565	18/01/2005	Gabriel Flores	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Senna papillosa</i>	(Britton & Rose) H.S. Irwin & Barneby	Vania Corona	226	16/06/2009		San Andrés Tuxtla	Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl+matK
Sapotaceae	<i>Sideroxylon portoricense</i>	Urb.	Eladio Velasco Sinaca	568	09/02/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Monimiaceae	<i>Siparuna andina</i>	(Tul.) A. DC.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6209	12/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Monimiaceae	<i>Siparuna andina</i>	(Tul.) A. DC.	Eladio Velasco Sinaca	611	01/04/2005	Susanne S. Renner	San Andrés Tuxtla	Camino al poblado de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Elaeocarpaceae	<i>Sloanea medusula</i>	K. Schum. & Pittier	Eladio Velasco Sinaca	684A	15/06/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Anacardiaceae	<i>Spondias radlkoferi</i>	Donn. Sm.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6205	11/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Jardín Botánico, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl
Anacardiaceae	<i>Spondias radlkoferi</i>	Donn. Sm.	Álvaro Campos Villanueva	6765	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Tebanca	Silice	rbcl
Apocynaceae	<i>Stemmadenia donnell-smithii</i>	(Rose) Woodson	Eladio Velasco Sinaca	112	22/11/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Apocynaceae	<i>Stemmadenia donnell-smithii</i>	(Rose) Woodson	Álvaro Campos Villanueva	6760	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Tebanca	Silice	rbcl+matK
Apocynaceae	<i>Stemmadenia galeottiana</i>	(A. Rich.) Miers	Eladio Velasco Sinaca	640	28/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	Santiago Tuxtla	Ejido Miguel Hidalgo, Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Apocynaceae	<i>Stemmadenia galeottiana</i>	(A. Rich.) Miers	Álvaro Campos Villanueva	6763	18/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Tebanca	Silice	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Styphnolobium parviflorum</i>	M. Sousa & Rudd	Santiago Sinaca Colín	708	09/05/1986	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Laguna Escondida, 2.5km al NO de la Estación de Biología	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Styphnolobium parviflorum</i>	M. Sousa & Rudd	Guillermo Ibarra Manríquez	2403	23/04/1985	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Laguna Escondida, 3km al NO de la Estación de Biología	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Fabaceae	<i>Swartzia myrtifolia</i>	Sm.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6226	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Intersección veredas Vigía 5 y Vigía 1. Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Swartzia myrtifolia</i>	Sm.	Eladio Velasco Sinaca	581	08/02/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Lote 69, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Swartzia myrtifolia</i>	Sm.	Eladio Velasco Sinaca	716	01/08/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Fabaceae	<i>Swartzia myrtifolia</i>	Sm.	Braulio Gómez Chagala	90	31/01/2002		San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (Los Tuxtlas)	rbcl
Bignoniaceae	<i>Tabebuia guayacan</i>	(Seem.) Hemsl.	Eladio Velasco Sinaca	615	02/04/2006	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Vochysiaceae	<i>Vochysia guatemalensis</i>	Donn. Sm.	Eladio Velasco Sinaca	719	01/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Bignoniaceae	<i>Tabebuia guayacan</i>	(Seem.) Hemsl.	Eladio Velasco Sinaca	646	11/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Apocynaceae	<i>Tabernaemontana alba</i>	Mill.	Eladio Velasco Sinaca	108	22/11/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Apocynaceae	<i>Tabernaemontana alba</i>	Mill.	Eladio Velasco Sinaca	536	19/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Apocynaceae	<i>Tabernaemontana arborea</i>	Rose	Álvaro Campos Villanueva	6751	17/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Carretera a Balzapote	Silice	rbcl+matK
Apocynaceae	<i>Tabernaemontana arborea</i>	Rose	Álvaro Campos Villanueva	6916	31/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Carretera a Balzapote	Silice	rbcl
Magnoliaceae	<i>Talauma mexicana</i>	(DC.) G. Don	Eladio Velasco Sinaca	669	23/05/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Magnoliaceae	<i>Talauma mexicana</i>	(DC.) G. Don	Eladio Velasco Sinaca	699	21/06/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Anacardiaceae	<i>Tapirira mexicana</i>	Marchand	Álvaro Campos Villanueva	6809	21/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	Catemaco	Pozolapan	Silice	rbcl+matK
Anacardiaceae	<i>Tapirira mexicana</i>	Marchand	Braulio Gómez Chagala	93	20/10/2004	Braulio Gómez Chagala	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Cannabaceae	<i>Trema micrantha</i>	(L.) Blume	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6197	10/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Circuito 1. Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Cannabaceae	<i>Trema micrantha</i>	(L.) Blume	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6225	13/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Intersección veredas Vigía 5 y Vigía 1. Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Silice	rbcl+matK
Meliaceae	<i>Trichilia breviflora</i>	S.F. Blake & Standl	Gerardo Salazar Chávez, Karen Hernández Esquivel, Eladio Velasco Sinaca y Armando Aguirre	8016	12/07/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío,	Silice	rbcl+matK
Meliaceae	<i>Trichilia breviflora</i>	S.F. Blake & Standl	Eladio Velasco Sinaca	556	25/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl
Meliaceae	<i>Trichilia havanensis</i>	Jacq.	Eladio Velasco Sinaca	555	24/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Meliaceae	<i>Trichilia havanensis</i>	Jacq.	Álvaro Campos Villanueva	6802	23/05/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Entronque Catemaco-Coyame-Montepío	Silice	rbcl+matK
Meliaceae	<i>Trichilia hirta</i>	L.	Eladio Velasco Sinaca	744	26/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla, Ejido Barrio Lerdo	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Meliaceae	<i>Trichilia martiana</i>	C. DC.	Eladio Velasco Sinaca	99	16/12/2004	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Meliaceae	<i>Trichilia martiana</i>	C. DC.	Eladio Velasco Sinaca	713	23/07/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Borde de Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Trichospermum galeottii</i>	(Turcz.) Kosterm.	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6190	09/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK
Malvaceae	<i>Trichospermum galeottii</i>	(Turcz.) Kosterm.	Eladio Velasco Sinaca	717	01/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido Laguna Escondida, 32 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	rbcl+matK
Moraceae	<i>Trophis mexicana</i>	(Liebm.) Bureau	Guillermo Ibarra Manríquez, Karen Hernández Esquivel y Alejandro Torres Montufar	6183	09/04/2010	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Silice	rbcl+matK

Familia	Especie	Autor	Colector (es)	# de Colecta	Fecha de Colecta	Identificó	Municipio	Localidad	Muestra	Código de Barras
Moraceae	<i>Trophis mexicana</i>	(Liebm.) Bureau	Eladio Velasco Sinaca	540	26/01/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Lote 71, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Staphyleaceae	<i>Turpinia occidentalis</i>	(Sw.) G. Don	Eladio Velasco Sinaca	732	15/08/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Vatairea lundellii</i>	(Standl.) Killip ex Record	Guillermo Ibarra Manríquez	539	18/04/1983	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	Ninguno
Fabaceae	<i>Vatairea lundellii</i>	(Standl.) Killip ex Record	Guillermo Ibarra Manríquez	2327	01/03/1985	Guillermo Ibarra Manríquez	San Andrés Tuxtla	Laguna Escondida, 3 km al NO de la Estación de Biología	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcL</i>
Celastraceae	<i>Wimmeria bartlettii</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	668	12/04/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Cima del cerro Vigía, Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Celastraceae	<i>Wimmeria bartlettii</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	700	26/06/2005	Eladio Velasco Sinaca	San Andrés Tuxtla	Ejido 1. de Mayo, faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Zapoteca tetragona</i>	(Willd.) H.M. Hern.	Guillermo Ibarra Manríquez	3655	13/03/1992	H. Hernández	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcL</i>
Fabaceae	<i>Zapoteca tetragona</i>		Vania Corona	38	21/11/2009		Catemaco	Ejido López Mateos	Herbario (Los Tuxtlas)	<i>rbcL</i>
Celastraceae	<i>Zinowiewia costaricensis</i>	Lundell	Eladio Velasco Sinaca	625	12/04/2005	Julio Lombardi	San Andrés Tuxtla	Lote 67, Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas, 30 km de Catemaco a Montepío	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Zygia sp.</i>		Gerardo Salazar Chávez, Karen Hernández Esquivel, Eladio Velasco Sinaca y Armando Aguirre	8022	13/07/2010	Álvaro Campos Villanueva	San Andrés Tuxtla	Rio Coxcuapan, Laguna de Sontecomapan	Sílice	<i>rbcL+matK</i>
Fabaceae	<i>Zygia unifoliolata</i>	(Benth.) Pittier	Eladio Velasco Sinaca	720	12/08/2005	Mario Sousa Sánchez	San Andrés Tuxtla	Faldas del Volcán San Martín Tuxtla	Herbario (MEXU)	<i>rbcL+matK</i>

APÉNDICE B

Ejemplos de algunas especies de árboles utilizadas en el presente trabajo y encontradas en la Reserva de la Biósfera “Los Tuxtlas”, Veracruz.

A continuación se enlistan los nombres de las especies que se ilustran en las dos páginas siguientes:

- 1) *Amphitecna tuxtensis* A. H. Gentry (Bignoniaceae)
- 2) *Cymbopetalum baillonii* R. E. Fr. (Annonaceae)
- 3) *Daphnopsis megacarpa* Nevling & Barringer (Thymelaeaceae)
- 4) *Guarea glabra* Vahl (Meliaceae)
- 5) *Garcinia intermedia* (Pittier) Hammel (Clusiaceae)
- 6) *Gliricidia sepium* (Jacq.) Kunth ex Walp. (Fabaceae)
- 7) *Hamelia patens* Jacq. (Rubiaceae)
- 8) *Inga vera* Willd. (Fabaceae)*
- 9) *Pachira aquatica* Aubl. (Malvaceae)*
- 10) *Poulsenia armata* (Miq.) Standl. (Moraceae)
- 11) *Psychotria limonensis* K. Krause (Rubiaceae)
- 12) *Palicourea faxlucens* (Lorence & Dwyer) Lorence (Rubiaceae)
- 13) *Pseudolmedia glabrata* (Liebm.) C.C. Berg (Moraceae)
- 14) *Rinorea guatemalensis* (S. Watson) Barlett (Violaceae)
- 15) *Siparuna andina* (Tul.) A. DC. (Siparunaceae)
- 16) *Trichilia breviflora* S. F. Blake & Standl. (Meliaceae)
- 17) *Zygia peckii* (B.L. Rob.) Britton & Rose (Fabaceae)*

Créditos fotográficos: 1-7, 9, 10, 12-14 por Karen B. Hernández y 8, 11, 15-17 por Gerardo A. Salazar.

Créditos de identificaciones: Guillermo Ibarra Manríquez, Gerardo A. Salazar y Álvaro Campos

*Especies distribuidas fuera de la Estación de Biología Tropical Los Tuxtlas





APÉNDICE C

Distancias Genéticas

A) Distancias Intraespecíficas con los marcadores combinados *rbcL*+*matK*. El número que sigue al nombre científico de la especie se refiere al número de colecta del individuo.

<i>Abarema idiopoda</i> Velasco671	<i>Abarema idiopoda</i> Velasco747	0.00%
<i>Abarema idiopoda</i> Velasco747	<i>Abarema idiopoda</i> Velasco671	0.00%
<i>Andira galeottiana</i> Campos6761	<i>Andira galeottiana</i> Campos6870	0.00%
<i>Andira galeottiana</i> Campos6870	<i>Andira galeottiana</i> Campos6761	0.00%
<i>Calyptanthus chiapensis</i> Ibarra6223	<i>Calyptanthus chiapensis</i> Ibarra6224	0.00%
<i>Calyptanthus chiapensis</i> Ibarra6224	<i>Calyptanthus chiapensis</i> Ibarra6223	0.00%
<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco656	<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco721	0.00%
<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco721	<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco656	0.00%
<i>Citharexylum affine</i> Campos6743	<i>Citharexylum affine</i> Campos6920	0.00%
<i>Citharexylum affine</i> Campos6920	<i>Citharexylum affine</i> Campos6743	0.00%
<i>Cupania glabra</i> Velasco769	<i>Cupania glabra</i> Velasco771	0.00%
<i>Cupania glabra</i> Velasco771	<i>Cupania glabra</i> Velasco769	0.00%
<i>Cymbopetalum baillonii</i> Campos6785	<i>Cymbopetalum baillonii</i> Ibarra61	0.00%
<i>Cymbopetalum baillonii</i> Ibarra61	<i>Cymbopetalum baillonii</i> Campos6785	0.00%
<i>Dalbergia glomerata</i> Diaz13	<i>Dalbergia glomerata</i> Velasco772	0.00%
<i>Dalbergia glomerata</i> Velasco772	<i>Dalbergia glomerata</i> Diaz13	0.00%
<i>Diospyros digyna</i> Campos6766	<i>Diospyros digyna</i> Campos6776	0.00%
<i>Diospyros digyna</i> Campos6776	<i>Diospyros digyna</i> Campos6766	0.00%
<i>Dussia mexicana</i> Velasco109	<i>Dussia mexicana</i> Velasco695	0.00%
<i>Dussia mexicana</i> Velasco695	<i>Dussia mexicana</i> Velasco109	0.00%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	0.00%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	0.00%
<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	0.00%
<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	0.00%
<i>Gliricidia sepium</i> Ibarra6208	<i>Gliricidia sepium</i> Velasco613	0.00%
<i>Gliricidia sepium</i> Velasco613	<i>Gliricidia sepium</i> Ibarra6208	0.00%
<i>Heliocarpus donnell smithii</i> Ibarra6184	<i>Heliocarpus donnell smithii</i> Velasco563	0.00%
<i>Heliocarpus donnell smithii</i> Velasco563	<i>Heliocarpus donnell smithii</i> Ibarra6184	0.00%
<i>Inga acrocephala</i> Gomez128	<i>Inga acrocephala</i> Velasco733	0.00%
<i>Inga acrocephala</i> Velasco733	<i>Inga acrocephala</i> Gomez128	0.00%
<i>Mappia racemosa</i> Velasco583	<i>Mappia racemosa</i> Velasco628	0.00%
<i>Mappia racemosa</i> Velasco628	<i>Mappia racemosa</i> Velasco583	0.00%
<i>Maytenus purpusii</i> Velasco582	<i>Maytenus purpusii</i> Velasco612	0.00%
<i>Maytenus purpusii</i> Velasco612	<i>Maytenus purpusii</i> Velasco582	0.00%
<i>Mortoniendron guatemalense</i> Gomez116	<i>Mortoniendron guatemalense</i> Velasco602	0.00%
<i>Mortoniendron guatemalense</i> Velasco602	<i>Mortoniendron guatemalense</i> Gomez116	0.00%
<i>Myriocarpa longipes</i> Salazar8015	<i>Myriocarpa longipes</i> Velasco103	0.00%

<i>Myriocarpa longipes</i> Velasco103	<i>Myriocarpa longipes</i> Salazar8015	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	0.00%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	0.00%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	0.00%
<i>Pachira aquatica</i> Campos6746	<i>Pachira aquatica</i> Ibarra6214	0.00%
<i>Pachira aquatica</i> Ibarra6214	<i>Pachira aquatica</i> Campos6746	0.00%
<i>Parathesis lenticellata</i> Ibarra6216	<i>Parathesis lenticellata</i> Velasco608	0.00%
<i>Parathesis lenticellata</i> Velasco608	<i>Parathesis lenticellata</i> Ibarra6216	0.00%
<i>Pimenta dioica</i> Gomez96	<i>Pimenta dioica</i> Ibarra6213	0.00%
<i>Pimenta dioica</i> Ibarra6213	<i>Pimenta dioica</i> Gomez96	0.00%
<i>Posoqueria latifolia</i> Velasco572	<i>Posoqueria latifolia</i> Velasco617	0.00%
<i>Posoqueria latifolia</i> Velasco617	<i>Posoqueria latifolia</i> Velasco572	0.00%
<i>Poulsenia armata</i> Ibarra6188	<i>Poulsenia armata</i> Velasco712	0.00%
<i>Poulsenia armata</i> Velasco712	<i>Poulsenia armata</i> Ibarra6188	0.00%
<i>Pseudolmedia glabrata</i> Ibarra6177	<i>Pseudolmedia glabrata</i> Velasco604	0.00%
<i>Pseudolmedia glabrata</i> Velasco604	<i>Pseudolmedia glabrata</i> Ibarra6177	0.00%
<i>Rinorea guatemalensis</i> Ibarra6221	<i>Rinorea guatemalensis</i> Ibarra6222	0.00%
<i>Rinorea guatemalensis</i> Ibarra6222	<i>Rinorea guatemalensis</i> Ibarra6221	0.00%
<i>Rollinia mucosa</i> Campos6771	<i>Rollinia mucosa</i> Velasco619	0.00%
<i>Rollinia mucosa</i> Velasco619	<i>Rollinia mucosa</i> Campos6771	0.00%
<i>Senna papillosa</i> Corona226	<i>Senna papillosa</i> Velasco565	0.00%
<i>Senna papillosa</i> Velasco565	<i>Senna papillosa</i> Corona226	0.00%
<i>Stemmadenia galeottiana</i> Campos6763	<i>Stemmadenia galeottiana</i> Velasco640	0.00%
<i>Stemmadenia galeottiana</i> Velasco640	<i>Stemmadenia galeottiana</i> Campos6763	0.00%
<i>Swartzia myrtifolia</i> Ibarra6226	<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco581	0.00%
<i>Swartzia myrtifolia</i> Ibarra6226	<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco716	0.00%
<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco581	<i>Swartzia myrtifolia</i> Ibarra6226	0.00%
<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco581	<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco716	0.00%
<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco716	<i>Swartzia myrtifolia</i> Ibarra6226	0.00%
<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco716	<i>Swartzia myrtifolia</i> Velasco581	0.00%
<i>Tabebuia guayacan</i> Velasco615	<i>Tabebuia guayacan</i> Velasco646	0.00%
<i>Tabebuia guayacan</i> Velasco646	<i>Tabebuia guayacan</i> Velasco615	0.00%
<i>Trema micrantha</i> Ibarra6197	<i>Trema micrantha</i> Ibarra6225	0.00%
<i>Trema micrantha</i> Ibarra6225	<i>Trema micrantha</i> Ibarra6197	0.00%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	0.00%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	0.00%

<i>Trichospermum galeotti</i> Ibarra6190	<i>Trichospermum galeotti</i> Velasco717	0.00%
<i>Trichospermum galeotti</i> Velasco717	<i>Trichospermum galeotti</i> Ibarra6190	0.00%
<i>Wimmeria barlettii</i> Velasco668	<i>Wimmeria barlettii</i> Velasco700	0.00%
<i>Wimmeria barlettii</i> Velasco700	<i>Wimmeria barlettii</i> Velasco668	0.00%
<i>Faramea occidentalis</i> Ibarra6174	<i>Faramea occidentalis</i> Velasco118	0.07%
<i>Faramea occidentalis</i> Velasco118	<i>Faramea occidentalis</i> Ibarra6174	0.07%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	0.08%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	0.08%
<i>Daphnopsis megacarpa</i> Ibarra6217	<i>Daphnopsis megacarpa</i> Ibarra6220	0.08%
<i>Daphnopsis megacarpa</i> Ibarra6220	<i>Daphnopsis megacarpa</i> Ibarra6217	0.08%
<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6468a	<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6476	0.08%
<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6476	<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6468a	0.08%
<i>Trophis mexicana</i> Ibarra6183	<i>Trophis mexicana</i> Velasco540	0.08%
<i>Trophis mexicana</i> Velasco540	<i>Trophis mexicana</i> Ibarra6183	0.08%
<i>Pouteria rhynchocarpa</i> Ibarra6181	<i>Pouteria rhynchocarpa</i> Ibarra6206	0.08%
<i>Pouteria rhynchocarpa</i> Ibarra6206	<i>Pouteria rhynchocarpa</i> Ibarra6181	0.08%
<i>Ardisia compressa</i> Ibarra6210	<i>Ardisia compressa</i> Velasco632	0.08%
<i>Ardisia compressa</i> Velasco632	<i>Ardisia compressa</i> Ibarra6210	0.08%
<i>Pleuranthodendron lindenii</i> Ibarra6194	<i>Pleuranthodendron lindenii</i> Velasco677	0.08%
<i>Pleuranthodendron lindenii</i> Velasco677	<i>Pleuranthodendron lindenii</i> Ibarra6194	0.08%
<i>Siparuna andina</i> Ibarra6209	<i>Siparuna andina</i> Velasco611	0.15%
<i>Siparuna andina</i> Velasco611	<i>Siparuna andina</i> Ibarra6209	0.15%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	0.15%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	0.15%
<i>Pithecellobium hymenaeifolium</i> Campos6504	<i>Pithecellobium hymenaeifolium</i> S16	0.16%
<i>Pithecellobium hymenaeifolium</i> S16	<i>Pithecellobium hymenaeifolium</i> Campos6504	0.16%
<i>Orthion oblanceolatum</i> Ibarra6215	<i>Orthion oblanceolatum</i> Velasco587	0.17%
<i>Orthion oblanceolatum</i> Velasco587	<i>Orthion oblanceolatum</i> Ibarra6215	0.17%
<i>Talauma mexicana</i> Velasco669	<i>Talauma mexicana</i> Velasco699	0.18%
<i>Talauma mexicana</i> Velasco699	<i>Talauma mexicana</i> Velasco669	0.18%
<i>Amphitecna tuxtensis</i> Ibarra6173	<i>Amphitecna tuxtensis</i> Velasco586	0.23%
<i>Amphitecna tuxtensis</i> Velasco586	<i>Amphitecna tuxtensis</i> Ibarra6173	0.23%
<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	0.26%
<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	0.26%
<i>Prunus tetradenia</i> Velasco685	<i>Prunus tetradenia</i> Velasco766	0.30%
<i>Prunus tetradenia</i> Velasco766	<i>Prunus tetradenia</i> Velasco685	0.30%
<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	0.33%
<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	0.33%
<i>Guarea glabra</i> Gomez114	<i>Guarea glabra</i> Velasco742	0.38%
<i>Guarea glabra</i> Velasco742	<i>Guarea glabra</i> Gomez114	0.38%
<i>Ilex quercetorum</i> Velasco730	<i>Ilex quercetorum</i> Velasco741	0.37%
<i>Ilex quercetorum</i> Velasco741	<i>Ilex quercetorum</i> Velasco730	0.37%
<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Campos6760	<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Velasco112	0.38%
<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Velasco112	<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Campos6760	0.38%
<i>Tabernaemontana alba</i> Velasco108	<i>Tabernaemontana alba</i> Velasco536	1.41%

<i>Tabernaemontana alba</i> Velasco536	<i>Tabernaemontana alba</i> Velasco108	1.41%
<i>Tabernaemontana arborea</i> Campos6751	<i>Tabernaemontana arborea</i> Campos6916	1.45%
<i>Tabernaemontana arborea</i> Campos6916	<i>Tabernaemontana arborea</i> Campos6751	1.45%

B) Distancias Interespecíficas de los marcadores combinados *rbcL*+*matK*. El número que sigue al nombre científico de la especie se refiere al número de colecta del individuo.

<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	0.00%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	0.00%
<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	0.00%
<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	<i>Inga sinacae</i> Velasco621	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	<i>Inga vera</i> Campos6767	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	<i>Inga sinacae</i> Velasco621	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	0.00%
<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	<i>Inga vera</i> Campos6767	0.00%
<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	0.00%
<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	0.00%
<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	<i>Inga sinacae</i> Velasco621	0.00%
<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	0.00%
<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	<i>Inga vera</i> Campos6767	0.00%
<i>Inga sinacae</i> Velasco621	<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	0.00%
<i>Inga sinacae</i> Velasco621	<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	0.00%
<i>Inga sinacae</i> Velasco621	<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	0.00%
<i>Inga sinacae</i> Velasco621	<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	0.00%
<i>Inga sinacae</i> Velasco621	<i>Inga vera</i> Campos6767	0.00%
<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	0.00%
<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	0.00%
<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	0.00%
<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	<i>Inga sinacae</i> Velasco621	0.00%
<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	<i>Inga vera</i> Campos6767	0.00%
<i>Inga vera</i> Campos6767	<i>Ingaacrocephala</i> Gomez128	0.00%
<i>Inga vera</i> Campos6767	<i>Ingaacrocephala</i> Velasco733	0.00%
<i>Inga vera</i> Campos6767	<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	0.00%
<i>Inga vera</i> Campos6767	<i>Inga sinacae</i> Velasco621	0.00%
<i>Inga vera</i> Campos6767	<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	0.00%

<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	0.00%
<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	0.00%
<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Gomez101	<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco624	<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	<i>Nectandra ambigens</i> Campos6757	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	<i>Nectandra ambigens</i> Velasco653	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	<i>Nectandra lundellii</i> Gomez117	0.00%
<i>Nectandra salicifolia</i> Velasco745	<i>Nectandra lundellii</i> Velasco711	0.00%
<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	0.00%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	0.00%
<i>Inga pavoniana</i> Velasco104	<i>Inga paterno</i> Gomez113	0.15%
<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	<i>Inga lactifera</i> Velasco767	0.15%
<i>Inga tuerckheimii</i> Velasco735	<i>Inga paterno</i> Gomez113	0.15%
<i>Inga lactifera</i> Velasco767	<i>Inga vera</i> Campos6767	0.15%
<i>Inga paterno</i> Gomez113	<i>Inga vera</i> Campos6767	0.15%
<i>Inga vera</i> Campos6767	<i>Inga lactifera</i> Velasco767	0.15%
<i>Inga vera</i> Campos6767	<i>Inga paterno</i> Gomez113	0.15%
<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	0.16%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	0.16%
<i>Inga lactifera</i> Velasco767	<i>Inga sinacae</i> Velasco621	0.16%
<i>Inga paterno</i> Gomez113	<i>Inga sinacae</i> Velasco621	0.16%
<i>Inga sinacae</i> Velasco621	<i>Inga lactifera</i> Velasco767	0.16%

<i>Inga sinacae</i> Velasco621	<i>Inga paterno Gomez</i> 113	0.16%
<i>Hamelia longipes</i> Salazar8013	<i>Hamelia patens</i> Campos6857	0.16%
<i>Hamelia patens</i> Campos6857	<i>Hamelia longipes</i> Salazar8013	0.16%
<i>Inga lactifera</i> Velasco767	<i>Inga nobilis</i> Velasco536	0.22%
<i>Inga nobilis</i> Velasco536	<i>Inga lactifera</i> Velasco767	0.22%
<i>Inga nobilis</i> Velasco536	<i>Inga paterno Gomez</i> 113	0.22%
<i>Inga paterno Gomez</i> 113	<i>Inga nobilis</i> Velasco536	0.22%
<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Campos6760	<i>Stemmadenia galeottiana</i> Campos6763	0.30%
<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Campos6760	<i>Stemmadenia galeottiana</i> Velasco640	0.30%
<i>Stemmadenia galeottiana</i> Campos6763	<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Campos6760	0.30%
<i>Stemmadenia galeottiana</i> Velasco640	<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Campos6760	0.30%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	0.30%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	0.30%
<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	0.30%
<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	0.30%
<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	0.30%
<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	0.30%
<i>Ilex quercetorum</i> Velasco730	<i>Ilex valeri Gomez</i> 118	0.30%
<i>Ilex valeri Gomez</i> 118	<i>Ilex quercetorum</i> Velasco730	0.30%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	0.30%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	0.30%
<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	0.30%
<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	0.30%
<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	0.30%
<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	0.30%
<i>Ficus eugeniaefolia</i> Velasco616	<i>Ficus pertusa</i> Velasco535	0.34%
<i>Ficus pertusa</i> Velasco535	<i>Ficus eugeniaefolia</i> Velasco616	0.34%
<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	0.35%
<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	0.35%
<i>Cupania belizensis</i> Coates50	<i>Cupania glabra</i> Velasco769	0.38%
<i>Cupania belizensis</i> Coates50	<i>Cupania glabra</i> Velasco771	0.38%
<i>Cupania glabra</i> Velasco769	<i>Cupania belizensis</i> Coates50	0.38%
<i>Cupania glabra</i> Velasco771	<i>Cupania belizensis</i> Coates50	0.38%
<i>Ilex quercetorum</i> Velasco741	<i>Ilex valeri Gomez</i> 118	0.38%
<i>Ilex valeri Gomez</i> 118	<i>Ilex quercetorum</i> Velasco741	0.38%
<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Velasco112	<i>Stemmadenia galeottiana</i> Campos6763	0.38%
<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Velasco112	<i>Stemmadenia galeottiana</i> Velasco640	0.38%
<i>Stemmadenia galeottiana</i> Campos6763	<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Velasco112	0.38%
<i>Stemmadenia galeottiana</i> Velasco640	<i>Stemmadenia donnell smithii</i> Velasco112	0.38%
<i>Citharexylum affine</i> Campos6743	<i>Citharexylum hexangulare</i> Velasco687	0.38%
<i>Citharexylum affine</i> Campos6920	<i>Citharexylum hexangulare</i> Velasco687	0.38%
<i>Citharexylum hexangulare</i> Velasco687	<i>Citharexylum affine</i> Campos6743	0.38%
<i>Citharexylum hexangulare</i> Velasco687	<i>Citharexylum affine</i> Campos6920	0.38%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	0.42%
<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	0.42%

<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	0.43%
<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	0.43%
<i>Parathesis lenticellata</i> Ibarra6216	<i>Parathesis tenuis</i> Velasco734	0.45%
<i>Parathesis tenuis</i> Velasco734	<i>Parathesis lenticellata</i> Ibarra6216	0.45%
<i>Lonchocarpus robustus</i> Velasco571	<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6476	0.45%
<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6476	<i>Lonchocarpus robustus</i> Velasco571	0.45%
<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	0.49%
<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	0.49%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	0.49%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	0.49%
<i>Parathesis lenticellata</i> Velasco608	<i>Parathesis tenuis</i> Velasco734	0.51%
<i>Parathesis tenuis</i> Velasco734	<i>Parathesis lenticellata</i> Velasco608	0.51%
<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco656	<i>Capparidastrum tuxtensis</i> Velasco714	0.51%
<i>Capparidastrum tuxtensis</i> Velasco714	<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco656	0.51%
<i>Lonchocarpus robustus</i> Velasco571	<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6468a	0.53%
<i>Lonchocarpus schiedeanus</i> Campos6468a	<i>Lonchocarpus robustus</i> Velasco571	0.53%
<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	0.60%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	0.60%
<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	0.60%
<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	0.60%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	0.61%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	0.61%
<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	0.63%
<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	0.63%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	0.63%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	0.63%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	0.68%
<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	0.68%
<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	0.68%
<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	0.68%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	0.68%
<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	0.68%
<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	0.68%
<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	0.68%
<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	0.68%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	0.68%
<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco721	<i>Capparidastrum tuxtensis</i> Velasco714	0.68%
<i>Capparidastrum tuxtensis</i> Velasco714	<i>Capparidastrum mollicellum</i> Velasco721	0.68%
<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	0.68%
<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	0.68%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	0.69%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	0.69%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	0.76%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	0.76%
<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	0.82%

<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	0.82%
<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	0.83%
<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	0.83%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	0.83%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	0.83%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	0.84%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	0.84%
<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	0.90%
<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	0.90%
<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	0.91%
<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	0.91%
<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	0.91%
<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	0.91%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	0.91%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	0.91%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	0.98%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	0.98%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	0.98%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco654	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	0.98%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	0.99%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	0.99%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	0.99%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco707	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	0.99%
<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	1.02%
<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	1.02%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	1.02%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	<i>Ocotea bernouliana</i> Campos6820	1.02%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	1.06%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	1.06%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	1.06%
<i>Ocotea verticillata</i> Velasco594	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	1.06%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	1.11%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	1.11%
<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	1.11%
<i>Ocotea uxpanapa</i> Velasco570	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	1.11%
<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	1.12%
<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	<i>Trichilia breviflora</i> Salazar8016	1.12%
<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	1.12%
<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	1.12%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	1.12%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	1.12%
<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	1.14%
<i>Trichilia havanensis</i> Campos6802	<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	1.14%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	1.14%
<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	1.14%

<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Gomez85	1.14%
<i>Ocotea effusa</i> Velasco639	<i>Ocotea dendrodaphne</i> Velasco622	1.14%
<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	1.36%
<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	1.36%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco713	<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	1.36%
<i>Trichilia martiana</i> Velasco99	<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	1.36%
<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	1.38%
<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	<i>Eugenia capuli</i> Velasco541	1.38%
<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	1.39%
<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	<i>Eugenia capuli</i> Ibarra6212	1.39%
<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	1.47%
<i>Trichilia havanensis</i> Velasco555	<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	1.47%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	1.53%
<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	1.53%
<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco710	1.53%
<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	<i>Eugenia colipensis</i> Velasco768	1.53%
<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	1.54%
<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	<i>Eugenia acapulcensis</i> Velasco558	1.54%
<i>Piper amalago</i> Velasco534	<i>Piper hispidum</i> Ibarra6179	1.58%
<i>Piper hispidum</i> Ibarra6179	<i>Piper amalago</i> Velasco534	1.58%
<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	1.59%
<i>Trichilia hirta</i> Velasco744	<i>Trichilia breviflora</i> Velasco556	1.59%
<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	1.77%
<i>Eugenia macrocarpa</i> Velasco724	<i>Eugenia karwinskiana</i> Velasco703	1.77%
<i>Cordia alliodora</i> Gomez104	<i>Cordia stellifera</i> Velasco696	2.17%
<i>Cordia stellifera</i> Velasco696	<i>Cordia alliodora</i> Gomez104	2.17%

BIBLIOGRAFÍA

- Bouchet P. 2000. El inventario de las especies. *Mundo científico*. No. 216. 28-33.
- Cabrera L. I., Salazar G. A., Martínez E., Ramos C., Chiang F., Sousa M., Escalante P. y Kuzmina M. 2011. DNA barcode of the flora of Calakmul, Yucatan peninsula, Mexico. En: *Fourth International barcode of life conference, Adelaide, Australia 2011*: http://www.dnabarcodes2011.org/conference/program/abstract_page.php?uniqid=3SJ618
- Chase M.W. y H.H. Hills. 1991. Silica gel: an ideal material for field preservation of leaf samples for DNA studies. *Taxon* 40 (2): 215-220.
- Chase M. W., Salamin N., Wilkinson M., Dunwell J. M., Kesanakurthi., Haidar N. y Savolainen V. 2005. Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Biological Sciences* 360 (1462): 1889-1895.
- Chase M. W., Cowan R. S., Hollingsworth P. M., Cassio van den Berg, Madriñán S., Petersen G., Seberg O., Jorgensen T., Cameron K. M., Carine M., Pedersen N., Hedderson T. A. J., Conrad F., Salazar G. A., Richardson J. E., Hollingsworth M. L., Barraclough T. G., Kelly L. y Wilkinson M. 2007. A proposal for a standardized protocol to barcode all land plants. *Taxon* 56 (2): 295-299.
- Cho Y., Mower J. P., Qiu Y. y Palmer J. D. 2004. Mitochondrial substitution rates are extraordinarily elevated and variable in a genus of flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 101 (51): 17741-17746.
- CONANP y SEMARNAT. 2006. Programa de conservación y manejo de la Reserva de la biósfera Los Tuxtlas. Salinas impresores, México DF. 293 p.
- Costion C., Ford A., Cross H., Crayn D., Harrington M. y Lowe A. 2011. Plant DNA barcodes can accurately estimate species richness in poorly known floras. *Public Library of Science ONE* 6 (11): e26841.
- Cuenoud P., Savolainen V., Chatrou L.W., Powell M., Grayer R.J. y Chase M.W. 2002. Molecular phylogenetics of Caryophyllales based on nuclear 18S rDNA and plastid *rbcl*, *atpB*, and *matK* DNA sequences. *American Journal of Botany* 89 (1):132-144.

- De Salle R., Egan M. G. y Siddall M. 2005. The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Biological Sciences* 360 (1462): 1905-1916.
- Dick C.W. y Kress W.J. 2009. Dissecting tropical plant diversity with forest plots and a molecular toolkit. *Bioscience* 59 (9): 745-755.
- Dirzo R. y Miranda A. 1992. El límite boreal de la selva tropical húmeda en el continente Americano: contracción de la vegetación y solución de una controversia. *Interciencia* 16: 240-247.
- Dirzo R., González S. E. y Vogt R. C. 1997. Introducción General. En: González-Soriano E., Dirzo R. y Vogt R. C. 1997. Historia Natural de Los Tuxtlas. Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Biología, UNAM. Instituto de Ecología, UNAM. CONABIO. México. 647 p.
- Doyle J. J. y Doyle J. L. 1987. A rapid DNA isolation procedure from small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19 (1): 11 – 15.
- Ewing B. y Green P. 1998. Base-calling of automated sequencer traces using PHRED. 2. Error probabilities. *Genome Research* 8 (3): 186-194.
- Fazekas A. J., Burgess K. S., Kesanakurti P. R., Graham S. W., Newmaster S. G., Husband B. C., Percy D. M., Hajibabaei M. y Barrett S. C. H. 2008. Multiple Multilocus DNA Barcodes from the Plastid Genome Discriminate Plant Species Equally Well. *Public Library of Science One* 3 (7): e2802
- Fazekas A. J., Kesanakurti P. R., Burgess K. S., Percy D. M., Graham S. W., Barret S. C. H., Newmaster S. G., Hajibabaei M., y Husband B. C. Are plant species inherently harder to discriminate than animal species using DNA barcoding markers?. *Molecular Ecology Resources* 9 (Suppl. 1): 130-139.
- Golding G. B., Hanner R. y Hebert P. D. N. 2009. Preface. *Molecular Ecology Resources* 9 (Suppl. 1): iv.
- Gonzalez A. M., Baraloto C., Engel J., Mori S. A., Pétronelli P., Bernard R., Roger A., Thébaud C. y Chave J. 2009. Identification of Amazonian trees with DNA barcodes. *Public Library of Science One* 4 (10): e7483.

- Gonzalez A. M., Dexter K. y Chave J. 2011. Effects of geographic genetic variations on plant DNA barcoding accuracy. En: *Fourth International barcode of life conference, Adelaide, Australia 2011*: http://www.dnabarcodes2011.org/conference/program/abstract_page.php?uniqid=NG2Hn2
- Guevara S. S., Laborde D. J. y Sánchez-Ríos G. 2004. Los Tuxtlas: El paisaje de la sierra. Instituto de Ecología, A. C. y Unión Europea, Xalapa, Veracruz, 288 p.
- Hajibabaei M., R. de Waard J., Ivanova N. V., Ratnasingham S., Dooh R. T., Kirk S. L., Mackie P. M. y Hebert P. D. N. 2005. Critical factors for assembling a high volume of DNA barcodes. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Biological Sciences* 360 (1462): 1-9.
- Hajibabaei M., Smith M. A., Janzen D. H., Rodriguez J. J., Whitfield J. B. y Hebert P. D. N. 2006. A minimalist barcode can identify a specimen whose DNA is degraded. *Molecular Ecology Notes* 6 (4): 959-964.
- Hajibabaei M., Singer G. A. C., Hebert P. D. N. y Hickey D. A. 2007. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics* 30 (10): 1-6.
- Hebert P. D. N., Cywinska A., Ball, S. L. y DeWaard J. R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 270 (1512): 313-321.
- Hebert P. D. N., Stoeckle M. Y., Zemplak T. S., Francis C. M. 2004. Identification of Birds through DNA barcodes. *Public Library of Science Biology* 2 (10): e312.
- Hebert P. D. N. y Gregory R. T. 2005. The promise of DNA Barcoding for Taxonomy. *Systematic Biology* 54 (5): 852-859.
- Hollingsworth P. M., Forrest L. L., Spouge J. L., Hajibabaei M., Ratnasingham S., van der Bank M., Chase M.W., Cowan R. S., Erickson D. L., Fazekas A. J., Graham S. W., James K. E., Kim K., Kress W. J., Shneider H., van AlphenStahl J., Barret S. C. H., van den Berg C., Bogarin D., Burgess K. S., Cameron K. M., Carin M., Chacón J., Clark A., Clarkson J. J., Conrad F., Devey D. S., Ford C., Hedderson T. A. J., Hollingsworth M. L., Husband B. C., Kelly L. J., Kesanakurti P. R., Kim J. S., Kim Y. D., Lahaye R., Lee H., Long D. G., Madriñán S., Maurin O., Meusnier I., Newmaster S. G., Park C., Percy D. M., Petersen G., Richardson J. E., Salazar G. A.,

- Savolainen V., Seberg O., Wilkinson M. J., Yil D. y Little D. P. [CBOL Plant Working Group]. 2009. A DNA barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 106 (31): 12794-12797.
- Hollingsworth P. M., Graham S. W. y Little D. P. 2011. Choosing and Using a Plant DNA Barcode. *Public Library of Science ONE* 6 (5): e19254.
- Hollingsworth P. M. 2011. DNA barcoding of land plants. En: *Fourth International barcode of life conference, Adelaide, Australia 2011*: http://www.dnabarcodes2011.org/conference/program/abstract_page.php?uniqid=ighFYP
- Ibarra-Manríquez G., Martínez-Ramos M., Dirzo, R. y Núñez-Farfán J. 1997. La vegetación. En: González-Soriano E., Dirzo R. y Vogt R. C. 1997. Historia Natural de Los Tuxtlas. Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Biología. Instituto de Ecología. CONABIO. México. 647 p.
- Ibarra-Manríquez G. y Sinaca C. S. 1995. Lista florística comentada de la Estación de Biología Tropical “Los Tuxtlas”, Veracruz, México. *Revista de Biología Tropical* 43 (1-3): 75-115.
- Ibarra-Manríquez G. y Sinaca C. S. 1996a. Estación de Biología Tropical “Los Tuxtlas”, Veracruz, México: Lista florística comentada (Mimosaceae a Verbenaceae). *Revista de Biología Tropical* 44 (1-3): 41-60.
- Ibarra-Manríquez G. y Sinaca C. S. 1996b. Lista comentada de plantas de la Estación de Biología Tropical “Los Tuxtlas”, Veracruz, México: (Violaceae-Zingiberaceae). *Revista de Biología Tropical* 44 (2): 427-447.
- Ibarra-Manríquez G. y Sinaca C. S. 1997. Fanerógamas. En: González-Soriano E., Dirzo R. y Vogt R. C. 1997. Historia Natural de Los Tuxtlas. Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Biología. Instituto de Ecología. CONABIO. México. 647 p.
- Ivanova N. V., Borisenko A. V. y Hebert P. D. N. 2009. Express barcodes: racing from specimen to identification. *Molecular Ecology Resources* 9 (s1): 35-41.
- Janzen D.H., Hajibabaei M., Burns J. M., Hallwachs W., Remigio E. y Hebert P. D. N. 2005. Wedding biodiversity inventory of a large and complex Lepidoptera fauna with DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Biological Sciences* 360 (1462): 1835–1845.

- Kane N., Sveinsson S., Dempewolf H., Yong Y. J., Zhang D., Engels M. M. J., Cronk Q. 2012. Ultra-Barcoding in cacao (*Theobroma* spp.; Malvaceae) using whole chloroplast genomes and nuclear ribosomal DNA. *American Journal of Botany* 99 (2): 320-329.
- Katoh K., Asimenos G. y Toh H. 2009. Multiple alignment of DNA sequence with MAFFT. En *Bioinformatics for DNA sequence analysis*, ed. D. Posada. *Methods in Molecular Biology* 537. New York: Humana Press.
- Ki-Joong Kim, School of Life Sciences and Biotechnology, Korea University, Seoul, Korea, unpublished *primers*.
- Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16 (2): 111-20.
- Kress W. J., Wurdack K. J., Zimmer E. A., Weigt L. A. y Janzen D. H. 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 102 (23): 8369-8374.
- Kress W. J. y Erickson D. L. 2007. A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbcL* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region. *Public Library of Science ONE* 2 (6): e508.
- Kress W. J., Erickson D. L., Jones A., Swenson N. G., Pérez R., Sanjur O. y Bermingham E. 2009. Plant DNA barcodes and community phylogeny of a tropical forest dynamics plot in Panama. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 106 (44): 18621-18626.
- Kress W. J., Erickson D. L., Swenson N.G, Thompson J., Uriarte M. y Jess K. 2010. Advances in the use of DNA barcodes to build a community phylogeny for tropical trees in a Puerto Rican forest dynamics plot. *Public Library of Science ONE* 5 (11): e15409.
- Kuzmina M., Janzen D., Johnson K., Hallwachs W. y Hebert P. 2011. Comparing the success of different DNA barcodes in boreal and tropical floras. En: *Fourth International barcode of life conference, Adelaide, Australia 2011*: http://www.dnabarcodes2011.org/conference/program/abstract_page.php?uniqid=etYq7

- Lahaye R., van der Bank M., Bogarin D., Warner J., Pupulin F., Gigot G., Maurin O., Duthoit S., Barraclough T. G. y Savolainen V. 2008. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 105 (8): 2923-2928.
- Meier R., Shiyang K., Vaidya G. y Ng P. K. L. 2006. DNA barcoding and taxonomy in dipterid: a tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology* 55 (5): 715-728.
- Meier R., Zhang G. y Ali F. 2008. The use of the mean instead of smallest interspecific distances exaggerates the size of the “barcoding gap” and leads to misidentification. *Systematic Biology* 57 (5): 809-813.
- Meyer C. P. y Paulay G. 2005. DNA barcoding: Error rates based on comprehensive sampling. *Public Library of Science Biology* 3 (12): e422.
- Mittermeier R. C. y Goettsch. 1992. La importancia de la diversidad biológica de México. 57-62 p. En: México ante los retos de la biodiversidad. CONABIO. México.
- Nei M. y Kumar S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford. USA. 333 p.
- Newmaster S. G., Fazekas A. J. y Ragupathy S. 2006. DNA barcoding in land plants: evaluation of *rbcL* in a multigene tiered approach. *Canadian Journal of Botany* 84 (3): 335-341.
- Newmaster S. G., Fazekas A. J., Steeves R. A. D. y Janovec J. 2008. Testing candidate plant barcode regions in the Myristicaceae. *Molecular Ecology Resources* 8 (3): 480-490.
- Newmaster S. G., Ragupathy S. y Janovec J. 2009. A botanical renaissance: State-of-art DNA bar coding facilitates an automated identification technology system for plants. *International Journal of Computer Applications in Technology* 35 (1): 50-60.
- Nicolalde-Morejón F., Vergara-Silva F., González-Astorga J., Stevenson D. W., Vovides A. P. y Sosa V. 2010. A character-based approach in the mexican cycads supports diverse multigene combinations for DNA barcoding. *Cladistics* 26 (2): 1-15.
- Palmer J. D., Adams K. L., Cho Y., Parkinson C. L., Qiu Y. y Song K. 2000. Dynamic evolution of plant mitochondrial genomes: Mobile genes and introns and highly variable mutation rates. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 97 (13): 6960-6966.

- Pei N., Lian J., Erickson D. L., Swenson N. G., Kress J. W., Ye W. y Ge X. 2011. Exploring tree-habitat associations in a Chinese subtropical forest plot using a molecular phylogeny generated from DNA barcode loci. *Public Library of Science ONE* 6 (6): e21273
- Pettengill J. B. y Neel M. C. 2010. An evaluation of candidate plant DNA barcodes and assignment methods in diagnosing 29 species in the genus *Agalinis* (Orobanchaceae). *American Journal of Botany* 97 (8): 1391-1406.
- Pimm S. L. y Jenkins C. 2005. Conservación de la biodiversidad. *Investigación y Ciencia: Biodiversidad* 350 (1): 34-41.
- Ratnasingham S. y Hebert P. D. N. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System (www.barcodinglife.org). *Molecular Ecology Notes* 7 (3): 355-364
- Richardson E. J., Pennington T. R. Pennington T. D. y Hollingsworth P. M. 2001. Rapid diversification of a species-rich genus of neotropical rain forest trees. *Science* 293 (5538): 2242-2245.
- Roy S., Tyagi A., Shukla V., Kumar A., Singh U. M., Chaudhary L. B., Datt B., Bag S. K., Singh P. K., Nair N. K., Husain T., Tuli R. 2010. Universal Plant DNA Barcode Loci May Not Work in Complex Groups: A Case Study with Indian *Berberis* Species. *Public Library of Science ONE* 5 (10): e13674
- Schoch C. L., Seifert K. A., Huhndorf S., Robert V., Spouge J. L., Levesque C. A., Chen W. y Fungal Barcoding Consortium. 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as universal DNA barcode marker for *Fungi*. *Proceedings of the National Academy of Science USA* 109 (16): 6241-6246.
- Smith M. A., Poyarkov N. A. Jr. y Hebert P. D. N. 2008. CO1 DNA barcoding amphibians: take the chance, meet the challenge. *Molecular Ecology Resources* 8 (2): 235-246.
- Spooner DM (2009) DNA barcoding will frequently fail in complicated groups: An example in wild potatoes. *American Journal of Botany* 96 (6): 1177–1189.
- Stebbins G. L. 1974. Flowering plants: Evolution above the Species Level. The Belknap Press of Harvard University Press. Cambridge, MA.
- Swofford, DL. 2002. PAUP*. Phylogenetic analysis using parsimony (* y other methods), version 4.02 b. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, USA.

- Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24 (8):1596-1599.
- Tyagi A., Tripathi A., Bag S., Chaudhary L.B., Roy S. 2011. Testing standard barcode loci for species identification in trees. En: *Fourth International barcode of life conference, Adelaide, Australia, 2011*: http://www.dnabarcodes2011.org/conference/program/abstract_page.php?uniqid=ur43DN
- Wilson J. J., Rougerie R., Schonfeld J., Janzen D. H., Hallwachs W., Hajibabaei M., Kitching I. J., Haxaire J. y Hebert P. D. N. 2011. When species matches are unavailable are DNA barcodes correctly assigned to higher taxa? An assessment using sphingid moths. *BioMed Central Ecology* (Agosto) 11(1):18.
- Wendt, T. 1993. Composition, floristic affinities, and origins of the Canopy Tree Flora of the Mexican Atlantic Slope Rain Forests. En: Ramamoorthy T. P., Bye R., Lot A., Fa J. 1993. *Biological Diversity of Mexico. Origins and Distribution*. Oxford University Press. New York. 812 p.
- Wong, E. H. K., Shivji M. S. Y Hanner R. H. 2009. Identifying sharks with DNA barcodes: assessing the utility of a nucleotide diagnostic approach. *Molecular Ecology Resources* 9 (Suppl. 1): 243–256.
- Yeson C., Barcenas R., Hernández H. M., Ruiz-Maqueda M., Prado A., Rodríguez V. M., Hawkins J. A. 2011. DNA barcodes for Mexican Cactaceae, plants under pressure from wild collecting. *Molecular Ecology Resources* 11 (5): 775-783.
- Zermeño B. C. E. 2011. Mesa redonda: Potencial de la aplicación de código de barras de ADN para la administración pública. En: *Reunión Nacional de la Red Temática del Código de Barras de la Vida*. Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. México, D. F.
- Zhang Z., Schwartz S., Wagner L. y Miller W. 2000. A greedy algorithm for aligning DNA sequences. *Journal of Computational Biology* 7(1-2): 203-214.

Referencias de los programas en línea

Barcode of Life: <http://www.barcodeoflife.org>. Mayo 2012 en línea.

MAFFT on line: <http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>. Mayo 2012 en línea.