



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO**  
**POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

FACULTAD DE CIENCIAS  
SISTEMÁTICA

**Sistemática filogenética y sus implicaciones en la delimitación  
de especies en el género *Bryopsis* Lamouroux (Bryopsidales,  
Chlorophycota) presente en las costas del Atlántico mexicano.**

## **TESIS**

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

**MAESTRO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

PRESENTA:

**Biól. Roberto Carlos Tufiño Velázquez.**

TUTOR PRINCIPAL DE TESIS: DR. FRANCISCO FLORES PEDROCHE  
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS AMBIENTALES. UAM-L.  
COTUTORA DE TESIS: DRA. HILDA PATRICIA LEÓN TEJERA  
FACULTAD DE CIENCIAS. UNAM  
COMITÉ TUTOR: DRA. HELGA OCHOTERENA BOOTH  
INSTITUTO DE BIOLOGÍA. UNAM.

CD. MX. NOVIEMBRE, 2016



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

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

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





**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO**  
**POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

FACULTAD DE CIENCIAS  
SISTEMÁTICA

**Sistemática filogenética y sus implicaciones en la delimitación  
de especies en el género *Bryopsis* Lamouroux (Bryopsidales,  
Chlorophycota) presente en las costas del Atlántico mexicano.**

# **TESIS**

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

**MAESTRO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

PRESENTA:

**Biól. Roberto Carlos Tufiño Velázquez.**

**TUTOR PRINCIPAL DE TESIS: DR. FRANCISCO FLORES PEDROCHE**  
**DEPARTAMENTO DE CIENCIAS AMBIENTALES. UAM-L.**  
**COTUTORA DE TESIS: DRA. HILDA PATRICIA LEÓN TEJERA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS. UNAM**  
**COMITÉ TUTOR: DRA. HELGA OCHOTERENA BOOTH**  
**INSTITUTO DE BIOLOGÍA. UNAM.**

**CD. MX. NOVIEMBRE, 2016**

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS  
FACULTAD DE CIENCIAS  
DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO

OFICIO FCIE/DEP/636/2016

ASUNTO: Oficio de Jurado

Lic. Ivonne Ramírez Wence  
Directora General de Administración Escolar, UNAM  
P r e s e n t e

Me permito informar a usted que en la reunión ordinaria del Comité Académico del Posgrado en Ciencias Biológicas, celebrada el día **15 de agosto de 2016** se aprobó el siguiente jurado para el examen de grado de **MAESTRO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** en el campo de conocimiento de **Sistemática** del (la) alumno (a) **TUFIÑO VELÁZQUEZ ROBERTO CARLOS** con número de cuenta **96583991** con la tesis titulada "**Sistemática filogenética y sus implicaciones en la delimitación de especies en el género *Bryopsis* Lamouroux (Bryopsidales, Chlorophycota) presente en las costas del Atlántico Mexicano**", realizada bajo la dirección del (la) **DR. JOSE FRANCISCO FLORES PEDROCHE**:

Presidente: DR. EBERTO NOVELO MALDONADO  
Vocal: DR. ABEL SENTÍES GRANADOS  
Secretario: DRA. HELGA OCHOTERENA BOOTH  
Suplente: DRA. ALEJANDRINA GRACIELA AVILA ORTIZ  
Suplente: DR. MARK EARL OLSON

Sin otro particular, me es grato enviarle un cordial saludo.

**ATENTAMENTE**  
**"POR MI RAZA HABLARA EL ESPÍRITU"**  
Ciudad Universitaria, Cd. Mx., a 13 de octubre de 2016

  
**DRA. MARÍA DEL CORO ARIZMENDI ARRIAGA**  
**COORDINADORA DEL PROGRAMA**



MCAA/MJFM/ASR/ipp

## **Agradecimientos**

Agradezco principalmente al Posgrado en Ciencias Biológicas de la UNAM por abrirme las puertas de la máxima casa de estudios para realizar mis estudios de posgrado. También agradezco a los miembros del Comité tutor, Dr. Francisco Flores Pedroche, Dra. Helga Ochoterena Booth y a la Dra. Hilda Patricia León Tejera, por el tiempo dedicado en la dirección de la tesis.

## **Gratitudes**

Existe algo que según los budistas se llama “el principio de la dependencia original”. Lo que explica este principio es que ninguna cosa, ser, o idea, puede llegar a la existencia independientemente. En el instante en que una cosa existe, tiene necesariamente conexiones con otras cosas que existieron en el pasado y que van a dejar de algún modo su huella en el futuro.

En mi caso, muchas de las ideas que moldearon mi formación están fuertemente influenciadas por mi más grande ejemplo académico: el Dr. Francisco Flores Pedroche. Gracias Dr. Pedroche, por tu tiempo, tu sabiduría, tu dirección, tu paciencia, gracias por la confianza y gracias porque una vez me dijiste “mi biblioteca es tu biblioteca” y entonces supe que había llegado al mejor de los entornos académicos para continuar con mi formación: el Laboratorio de Macroalgas Marinas de la Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa.

Al igual que Eduardo Galeano yo también, desde muy pequeño, tengo una gran facilidad para cometer errores, de manera que debo agradecer a todos aquellos que se tomaron un poco de su tiempo para corregirme y guiarme. Entre los tantos investigadores que fortalecieron e hicieron posible este trabajo, debo agradecer la valiosa colaboración y apoyo del Dr. Abel Sentiés Granados, la Dra, Alejandrina Ávila Ortiz, la Dra Johana Díaz Larrea, la Dra. Alejandra Serrato Díaz, la Dra. Helga Ochoterena Booth y la Dra. Hilda P. León Tejera

## **Dedicatoria**

Este trabajo está dedicado, sin duda, a mis padres, a mis hermanos y a todos los amigos que tuvieron la amabilidad de darme ese empujoncito cuando más lo necesitaba. Casi ninguno de ellos tuvo la paciencia de leer u opinar sobre las letras y las ideas que aquí se expresan, y aún así tuvieron el coraje de alentarme para seguir trabajando.

*Entrar como aficionado en el terreno del especialista, cuando no hay mucho que decir por cuenta propia, tiene sus castigos en el infierno estético.*

**Alfonso Reyes.**

# ÍNDICE

	<b>Pag.</b>
<b>RESUMEN</b> .....	1
<b>ABSTRACT</b> .....	3
<b>INTRODUCCIÓN</b> .....	5
El Género <i>Bryopsis</i> : descripción y estado actual de los estudios en sistemática	
Consideraciones Iniciales .....	
Bosquejo histórico de la sistemática y la adopción del paradigma Hennigiano	13
La revolución Hennigiana	
Homología	
Parsimonia	
Evaluación de hipótesis históricas	
Caracteres	
La evidencia: ¿Fenotipo o Genotipo?	
Filogenia Molecular de las Algas	
El Género <i>Bryopsis</i>	
<b>OBJETIVOS</b> .....	31
<b>METODOLOGÍA</b> .....	32
1. Muestreo de terminales y obtención del material biológico .....	32
2. Caracteres moleculares .....	35
a) <i>Extracción de ADN</i>	
b) <i>Amplificación vía PCR</i>	
c) <i>Secuenciación y alineamiento</i>	
d) <i>Análisis Filogenético</i>	
<b>RESULTADOS</b> .....	40
Análisis Filogenético	
Divergencia Nucleotídica	
Morfoespecies	

<b>DISCUSIÓN</b> .....	47
Análisis Filogenético	
Clados y Topología	
Taxonomía y Especies reconocidas	
Consideraciones particulares	
<b>CONCLUSIONES</b> .....	57
<b>LITERATURA CITADA</b> .....	59
<b>ANEXO 1</b>	
Codificación de los eventos potenciales de evolución molecular o “motifs”. La lista muestra los 55 eventos potenciales de evolución, el nombre del evento, la posición respectiva en la matriz y la codificación utilizada	
.....	65
<b>ANEXO 2</b>	
Alineamiento final (700 pb) de las secuencias de la región <i>psbB</i> para un total de 66 taxa .....	66
<b>ANEXO 3</b>	
Matriz de caracteres potencialmente informativos (312 pb) para la región <i>psbB</i> en un total de 66 taxa .....	80
<b>ANEXO 4</b>	
Matriz de Divergencias Genéticas. ....	87

## RESUMEN

*Bryopsis* es un género de algas verdes, marinas, cuyo talo cenocítico tiene la apariencia de una pluma. Se reconocen un total de 49 nombres de especies dentro del género, cinco de los cuales están registrados para el Atlántico mexicano. Tradicionalmente, el reconocimiento de las especies se hace mediante características morfológicas altamente variables, así como con caracteres citológicos y reproductivos que se solapan o sobreponen. Además, existe una alta plasticidad fenotípica que dificulta las identificaciones y hace más problemático la recuperación de las relaciones filogenéticas dentro del género. En este trabajo se evaluó la utilidad del marcador molecular *psbB* en la reconstrucción filogenética de ejemplares de *Bryopsis* del Atlántico mexicano. El muestreo de terminales (especímenes recolectados y secuencias recuperadas de GenBank) incluyó 66 taxa. *Lambia antarctica* y *Derbesiasp.* fueron utilizados como grupo externo en el análisis. La matriz considerada para el análisis consistió de 312 sitios potencialmente informativos. El análisis de "parsimonia de ratchet" dio como resultado 298 árboles igualmente parsimoniosos. El árbol consenso estricto tuvo una longitud de 808 pasos con un IC = 0.61 y un IR = 0.88. El marcador molecular *psbB*, proporcionó información suficiente para resolver, en un clado principal, los ejemplares mexicanos de *Bryopsis* recolectados en este trabajo. En función de la información que proporcionan los datos de divergencia genética, la topología del árbol obtenido y de algunas consideraciones geográficas y taxonómicas, la principal conclusión de este trabajo, es que para el Atlántico de México **no** están presentes las especies *B. hypnoides* y *B. plumosa*. Un valor de divergencia genética de 0.049 para el marcador *psbB*, permite la distinción entre especies del género *Bryopsis*. Para los clados considerados típicos del Golfo de México (clados F, G y H) se reconocen como pertenecientes a *B. ramulosa* o bien como una

especie nueva que habría que tipificar. Los clados caribeños (clados E y E') se identifican como *B. pennata*. Se propone que el conflicto que representan el ejemplar recolectado en Sabancuy, Campeche y la secuencia de Cozumel, se debe a la zona de transición entre el sur del Golfo de México y el Mar Caribe, en donde podrían cohabitar ambas especies. Lo anterior permite proponer, por el momento, que para el Atlántico mexicano existen dos especies de *Bryopsis*: *B. pennata* y *B. ramulosa*. Los registros existentes bajo la denominación de: *B. hypnoides* y *B. plumosa* son nombres mal aplicados para ellas.

## ABSTRACT

*Bryopsis* is a genus of green marine algae whose coenocytic thallus is a frond that resembles the form of a feather. Worldwide about 49 species have been described, five of which are recorded from Mexican Atlantic. Within the genus, identification of species include the use of highly variable rare morphological characters and also cytological and reproductive traits that show overlapping, which makes naming species difficult and confusing. In addition to this, phenotypic plasticity confuses identification of species and makes difficult to recover phylogenetic relationships. Because of these facts we evaluated the utility of *psbB* molecular marker in phylogenetic reconstruction of the genus *Bryopsis* from the Mexican Atlantic. The overall sampling of terminals (specimens collected and sequences from GenBank) included 66 taxa. *Lambia antarctica* and *Derbesia* sp. specimens were used as outgroup. A matrix of 312 sites potentially informative were considered for the analysis. The ratchet parsimony analysis resulted in 298 equally parsimonious trees. The strict consensus tree length was 808 steps with an IC=0.61 and IR=0.88. The molecular marker *psbB*, provided enough information in order to solve, in a principal clade, mexican specimens of *Bryopsis*, collected in this work. Based on the information given by genetic divergence, the tree topology and certain geographic and taxonomic considerations, the main conclusion of this work is that *B. hypnoides* and *B. plumosa* species do not exist for the Mexican Atlantic. A value of genetic divergence of about 0.049 for the *psbB* marker, allows the distinction between species from the *Bryopsis* genus. For the Gulf of Mexico clades (F, G and H clades), we recognize them as belonging to *B. ramulosa* or a new species that have to be typified. The typical Caribbean clades (E and E' clades) are identified as *B. pennata*. It is proposed that, the conflict that represents the specimens collected in Sabancuy, Campeche and this sequence of Cozumel, is due to the

transition zone between the south of the Gulf of Mexico and the Caribbean Sea, where the two species could cohabit. Foregoing, allows to propose, for the moment, that for the Mexican Atlantic there are two species of *Bryopsis*: *B. pennata* and *B. ramulosa*. The existing records under the denomination of *B. hypnoides* and *B. plumosa* are misapplied names for them.

**SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA Y SUS IMPLICACIONES EN LA DELIMITACIÓN DE ESPECIES EN EL GÉNERO *BRYOPSIS* LAMOUROUX (BRYOPSIDALES, CHLOROPHYCOTA) PRESENTE EN LAS COSTAS DEL ATLÁNTICO MEXICANO.**

## **INTRODUCCIÓN**

### **El Género *Bryopsis*: descripción y estado actual de los estudios en sistemática.**

Las algas verdes constituyen un linaje monofilético ecológica y morfológicamente muy diverso. La variación morfológica de las algas verdes abarca desde los eucariotas más pequeños hasta organismos gigantes conformados por una célula multinucleada o formas multicelulares con talos gametofitos que recuerdan a las briofitas. La gran mayoría de las algas verdes se encuentran en agua dulce o hábitats terrestres, aunque algunas formas microscópicas son abundantes en el fitoplancton marino. Las formas macroscópicas marinas solo se conocen en la clase Ulvophyceae (Friedl & Rybalka, 2012).

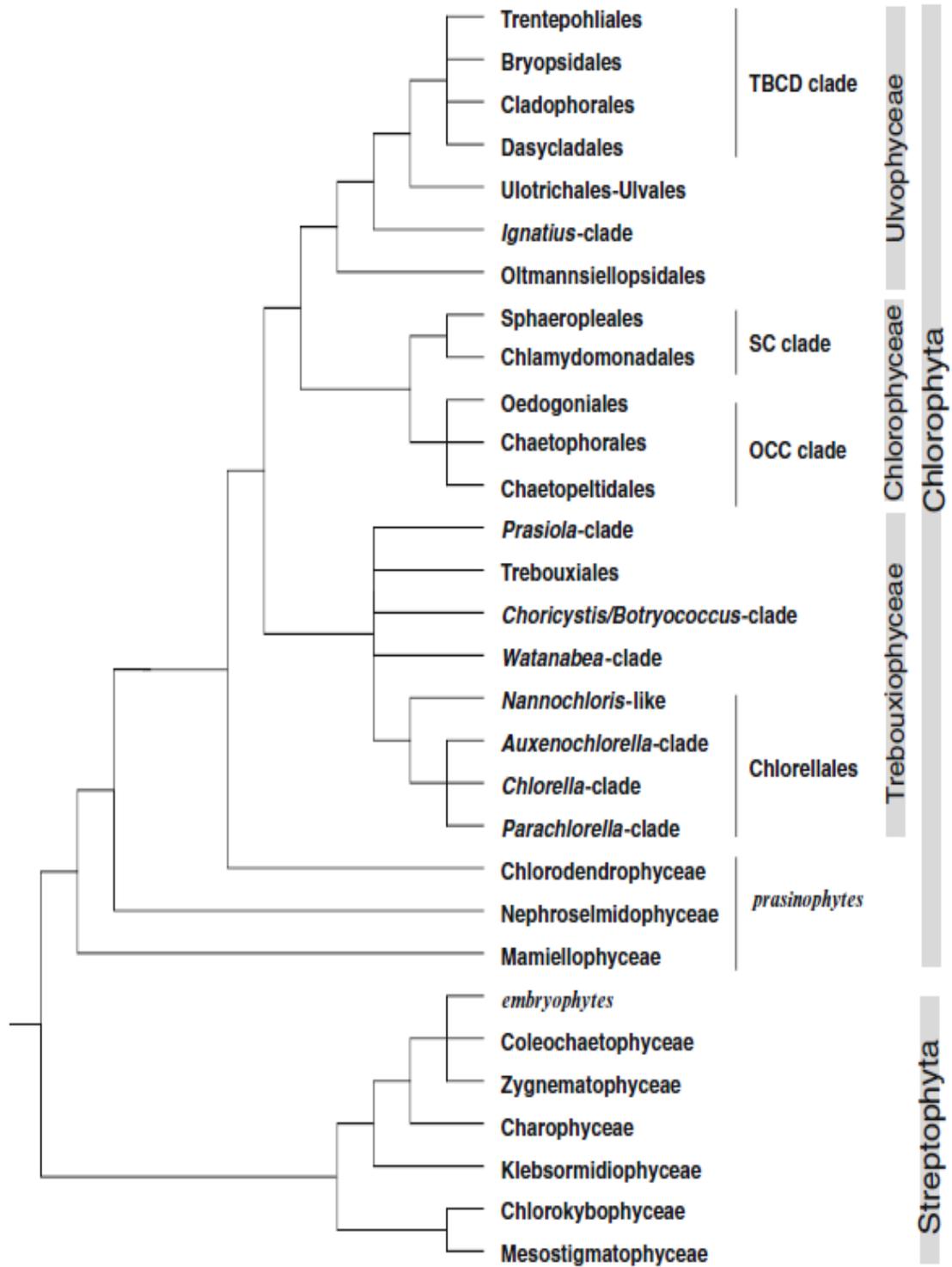
Con respecto a la filogenia de las clorofitas, los estudios más recientes confirman que Prasinophyta (formalmente clase Prasinophyceae) es basal, y que contiene distintos linajes aún no resueltos; una propuesta es que Chlorophyta está conformado por cuatro linajes derivados que corresponden a las clases Chlorodendrophyceae (Prasinophyta), Trebouxiophyceae, Chlorophyceae y Ulvophyceae (Turmel *et al*, 2007); por otro lado, una visión cada vez más sustentada por la filogenómica del cloroplasto, es que Trebouxiophyceae emergió de Chlorophyceae y Ulvophyceae, por lo tanto estas tres clases conformarían un grupo principal llamado "TUC" (Friedl & Rybalka, 2012; Leliaert *et al.*, 2012) (Figura 1). La monofilia de Ulvophyceae (la clase a la que pertenece Bryopsidales) ha sido evaluada y confirmada hace relativamente poco tiempo (Cocquyt *et al.*, 2010).

Esta visión actual de los grandes grupos de algas verdes ha sido el resultado de diversos análisis filogenéticos empleando herramientas moleculares que comenzaron a ser ampliamente utilizadas a partir de la década de 1990, después de la “taxonomía tradicional” de las algas, basada exclusivamente en la morfología y la ultraestructura. Una revisión acerca de algunos aspectos históricos de la taxonomía de las algas verdes se encuentra en los trabajos de Lewis y McCourt (2004) y Pröschold y Leliaert (2007).

La sistemática de este grupo de algas está progresando de manera acelerada, particularmente por el uso de datos moleculares (secuencias de diversos loci nucleares, mitocondriales y de cloroplasto).

En la actualidad existe una importante tendencia a enfocarse en la solución de la sistemática de diversos géneros algales. La descripción de especies, de estos géneros, está fundamentada, cada vez, más en diversos marcadores moleculares o bien en algún gen en particular que tenga utilidad en la discriminación de las mismas (*i.e.* Müller *et al.*, 2007).

Particularmente en el género *Bryopsis*, las dificultades para encontrar discontinuidades en los patrones de variación morfológica, diferencias en los patrones de historia de vida, o la utilidad en las diferencias en los números de cromosomas, han resultado de poca o nula utilidad para distinguir especies dentro del género, lo que ha dado lugar a la exploración de datos moleculares en conjunción con la aplicación de métodos filogenéticos.

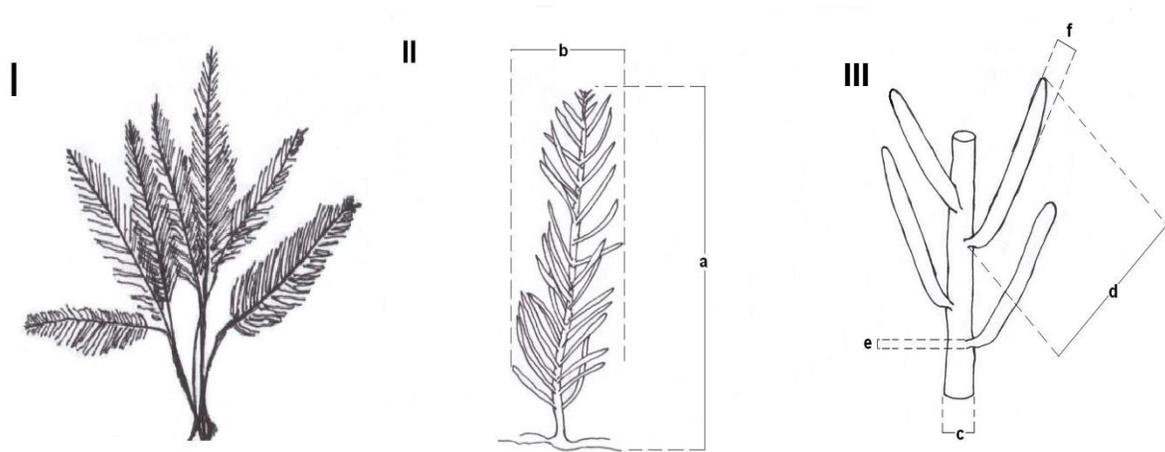


**Figura 1.** Esquema simplificado de la filogenia consenso de las algas verdes (tomado de Friedl&Rybalka, 2012).

*Bryopsis* J. V. Lamouroux es un género de algas verdes sifonales cuyo talo cenocítico está constituido por una fronda con apariencia de pluma; se trata de un sifón erecto que porta un sistema de ramas regularmente pinnadas, que a su vez se origina de un sifón rastrero (Figura 2). El género se distribuye en aguas marinas relativamente protegidas, templadas y tropicales. En promedio, el talo alcanza una longitud de alrededor de 10 cm; en Japón, una especie (*B. máxima* Okamura) alcanza una longitud de más de 40 cm, pero la mayoría de las especies son de unos pocos centímetros de alto (Bold & Wynne, 1985). El protoplasma forma una delgada capa periférica dentro del sifón que contiene núcleos en la parte externa y cloroplastos discoidales hacia la parte interna. El cloroplasto comúnmente contiene pirenoides. El centro del sifón está ocupado por una gran vacuola. Las pínulas pequeñas están destinadas a convertirse en gametangios, previa formación de una constricción (“plug”) en el poro que separa el citoplasma de la rama, del citoplasma del eje principal (Hoek *et al.*, 1995).

Lamouroux fue quien describió el género en 1809 y, en función del arreglo, la longitud y la densidad de las pínulas sobre el eje erecto del talo, distinguió cinco especies (Lamouroux, 1809, p. 333). Desde entonces, se han descrito más de 60 especies en todo el mundo (Krellwitz *et al.*, 2001). Sin embargo, Wynne (2005) explica que en la literatura se presentan varios nombres que por diversas razones han sido excluidos o tratados como dudosos (ya sea que no son legítimos, de publicación no válida, que han sido transferidos a otros géneros, etc), por lo que la lista de nombres reconocidos que presenta en su trabajo es de 49 especies de *Bryopsis*. En relación a las especies presentes para el Atlántico tropical y subtropical (región que abarca desde Carolina del Norte hasta Brasil), el mismo Wynne (2011) reporta un total de 8 especies. En México están registradas 5 especies en el océano Atlántico (*B. hypnoides* J. V. Lamouroux, *B. pennata* J.

V.Lamouroux, *B. plumosa* (Hudson) C. Agardh, *B. halliae* W. R. Taylor y *B. ramulosa* Montagne), y 6 especies en el Pacífico (*B. hypnoides*, *B. pennata*, *B. plumosa*, *B. corticulans* Setchell, *B.galapagensis* W. R. Taylor y *B. muscosa* J. V.Lamouroux) (Ortega *et al.*, 2001 y Pedroche *et al.*, 2005).



**Figura 2.** I. Talo de *Bryopsis* sp.; II. y III. Detalles de la pínula; **a**: longitud total de la pínula; **b**: diámetro máximo de la pínula; **c**: diámetro del eje principal; **d**: longitud de la pínula de último orden; **e**: diámetro de la unión entre la pínula de último orden y el eje principal; **f**: diámetro de la pínula de último orden.

La historia de vida de *Bryopsis* es de naturaleza muy variable (Cuadro 1). Tradicionalmente ha sido interpretada como diplohaplobiontica con meiosis gamética (Bold & Wynne, 1985; Hoek *et al.*, 1995). Sin embargo para algunas especies (i.e. *B. plumosa*, *B. hypnoides*) existen dos historias de vida alternativas (Brück & Schnetter,

1997; Van den Hoek *et al.*, 1995); *B. plumosa* es dioica (heterotálica) y exhibe una historia vital haplónica (sólo hay una fase vegetativa que es haploide y el cigoto es la única fase diploide) y anisogámica, con gametos biflagelados. El cigoto es filamentoso y tiene un núcleo gigante que puede formar esporas estefanocontas o desarrollarse directamente en una nueva planta. Este núcleo gigante probablemente es el único diploide en la historia de vida. Cuando el cigoto filamentoso funciona como esporofito, el ciclo de vida es heteromórfico y diplohaplontico. Por otra parte, *B. hypnoides* posee el mismo ciclo de vida que *B. plumosa*, excepto porque es monoica (homotálica). Los distintos patrones de historia de vida reflejan, posiblemente, de acuerdo con Bold & Wynne (1985) una diferenciación ecológica.

De acuerdo a Hillis-Colinvaux (1984), los caracteres morfológicos, la ultraestructura y los patrones de historia de vida son importantes para reconocer a las especies dentro del género. Sin embargo, hay relativamente pocos caracteres y pocos estados de carácter (Figura 2), lo que aunado a la plasticidad fenotípica dificulta la recuperación de las relaciones filogenéticas (Woolcott *et al.*, 2000). Silva (1979) señala una fuerte sospecha de que los caracteres morfológicos están influenciados por factores ambientales como la temperatura y la salinidad. Así, pues, la taxonomía alfa de *Bryopsis* permanece dependiente de los caracteres morfológicos altamente variables. Incluso, ni los caracteres reproductivos, ni los citológicos han sido suficientes para clarificar la taxonomía de este género (Krellwitz *et al.*, 2001).

**Cuadro 1.** Resumen de parte del conflicto en la definición de especies del género *Bryopsis*. Los caracteres: “tipo de ramificación”, “ciclo de vida”, “número de cromosomas” y la aplicación del concepto biológico de especie son completamente conflictivos entre las especies de *B. hypnoides*, *B. plumosa* y *B. pennata*.

<i>Especie/ Caracter</i>	<i>B. hypnoides</i>	<i>B. plumosa</i>	<i>B. pennata</i>
Tipo de ramificación	Radial	Dística	
Forma de la fronda	Lanceolada	Deltoide	Lanceolada
Sexualidad	Monoica(homotática)	Dioica(heterotática) Monoica	Se desconoce
Reproducción	Completamente interfértiles (Rietema, 1975; Shevlin, 1982)		Se desconoce
Cariotipo	N= 8 (Neumann, 1969) N= 12 (Kermarrec, 1980; Chowdary <i>et al.</i> , 1982) N= 8, 10, 12 (Kapraun& Shipley, 1990)	N= 4 ((Zinnecker, 1935) N= 8 (Rietema, 1975) N= 14 (Kermarrec, 1980; Chowdary <i>et al.</i> , 1982) N= 4, 8, 10, 14 (Kapraun & Shipley, 1990)	N= 7, 8 (Kapraun & Shipley, 1990)

Un análisis morfológico y molecular de *Bryopsis* (Krellwitz *et al.*, 2001) reveló la presencia de cuatro clados genéticamente distintos en el Atlántico occidental y el Caribe, que parecen reflejar una disyunción tanto estacional como geográfica. Sin embargo, estos cuatro clados genéticos no coinciden con las especies morfológicas descritas en el género. Se ha sugerido que las investigaciones han estado basadas en identificaciones erróneas de estas especies polimórficas y pobremente delimitadas (Kapraun, 2005), lo que además ha contribuido a la variación registrada en los números de cromosomas (Cuadro 1) (Kapraun & Shipley, 1990; Bruck & Schnetter, 1997).

Recordemos, como apuntábamos en párrafos anteriores, que en el género *Bryopsis* existen relativamente pocos caracteres y pocos estados de carácter, lo que aunado a la plasticidad fenotípica dificulta también la consideración de caracteres continuos en los análisis filogenéticos (Tufiño *et al.*, 2006; Tufiño y Pedroche, 2014). Se trata de problemas serios, en contraste con los datos moleculares, cuya definición y delimitación en cuanto a estados de carácter se encuentran bien definidas, ya que los únicos estados que se pueden reconocer son A, G, T y C.

En función de la investigación de Krellwitz *et al.*, (2001) la asignación de especies dentro del género, basada solamente en caracteres morfológicos, requiere una reconfirmación, por lo que obtener complementos cromosómicos, tamaños de genoma nuclear y secuencias de genes particulares, se convierten en tareas de considerable interés.

Bajo este marco, la postura adoptada en este trabajo fue la de llevar a cabo un análisis cladístico utilizando caracteres moleculares, para proponer una hipótesis que permita

discutir los criterios (morfológicos o moleculares) en la definición de especies del género *Bryopsis*, presentes en el Atlántico mexicano. Así, la exploración del valor filogenético de datos moleculares (específicamente del marcador *psbB*), representó el objetivo principal, ante las dificultades que representa el uso de datos morfológicos.

## **CONSIDERACIONES INICIALES**

### **Bosquejo histórico de la sistemática y la adopción del paradigma Hennigiano**

La sistemática siempre ha tenido un papel central en la historia de la biología. En particular, se le ha definido como el estudio científico de los tipos de organismos, de su diversidad y de todas las relaciones que existen entre ellos (Mayr & Ashlock, 1991). La sistemática aborda el estudio de las poblaciones, de las especies y de taxa superiores. Ninguna otra rama de la biología se ocupa de una manera similar de estos niveles de organización del mundo vivo. Se trata de una disciplina que unifica a toda la biología, sobre todo porque en las últimas décadas ha establecido un marco conceptual, lógicamente consistente, para interpretar las propiedades, actividades y distribución de las especies, convirtiéndola en una disciplina predictiva y explicativa. A grandes rasgos, la Sistemática recupera y describe datos al interior de la biodiversidad y hace interpretaciones de esos datos que son esenciales para conocer, conservar y manejar los recursos biológicos del mundo (Simpson & Cracraft, 1995). Cracraft (2002) presenta una revisión extensa sobre la relevancia de la Sistemática en la que detalla el papel central de esta disciplina integradora y en la que aborda preguntas acerca de la biodiversidad, acerca de la filogenia y relacionadas con la biogeografía (“Thesevengreatquestions of systematicbiology”). De esta forma la Sistemática ha cambiado de ser una ciencia que catalogaba la diversidad “estática” a una disciplina que interpreta a las especies y sus

características en términos de hipótesis evolutivas formuladas rigurosamente. Esta breve descripción de las tareas e importancia de la Sistemática está hecha bajo la consideración de que la disciplina adoptó los principios de la “Sistemática Filogenética” (también conocida como cladística), escuela que ha establecido un marco metodológico y conceptual lógicamente consistente, permitiendo postular hipótesis de relaciones entre taxa en función de la posesión de caracteres derivados compartidos. Veamos ahora, brevemente, el desarrollo histórico de la Sistemática y cómo ha llegado a conformarse según la descripción anterior.

Las revisiones históricas de ésta disciplina describen y destacan varias etapas críticas durante su desarrollo (clasificaciones folk, el esencialismo desde los griegos hasta Linneo, el sistema natural, la teoría evolutiva de Darwin, la taxonomía numérica que incorporó análisis computacionales y la sistemática filogenética) (Mishler, 2000; Sarkar, 2006). Sobresalen las aportaciones de Linneo que estableció el *sistema binomial* y las *jerarquías linneanas*, que hasta nuestros días nos permiten nombrar a las especies y proponer esquemas “formales” de organización de los grupos. Sin embargo, fue la publicación de “El origen de las especies” en 1859 lo que marcó la pauta para considerar formalmente las bases evolutivas (la genealogía -ascendencia común- y el grado de similitud -cantidad de cambios evolutivos-) como criterio de organización taxonómica, aunque su impacto no fue inmediato. A las clasificaciones basadas en estos dos criterios se les llama sistemas de clasificación evolutivos o darwinianos (Mayr, 2000). El hecho de incorporar una teoría explicativa (causal) para el agrupamiento de la biodiversidad, sometió a los esquemas de clasificación a estrictas limitaciones que han impedido que se transformen arbitrariamente en un sistema artificial.

Mayr (2000) manifiesta que después de la publicación de “*El Origen*” hubo un periodo de intensa preocupación por la filogenia y la macrotaxonomía, pero la taxonomía básica quedó bastante relegada, e incluso despreciada, durante un período llamado de esplendor de la biología experimental. En opinión de Nelson y Platnick (1981), este declive en la taxonomía obedeció a la influencia del mismo Darwin y Wallace, quienes interesados en desarrollar un modelo sobre el proceso evolutivo, dejaron de lado el estudio del patrón. Entre los años 1920 y 1950 floreció la nueva sistemática (sistemática tradicional, evolucionista, gradista o filista) seguida en las últimas décadas por la taxonomía numérica (enfoque fenético, neoadansoniano o taximétrico) y la sistemática filogenética o cladística. Cada enfoque parte de bases conceptuales claramente distintas (Cuadro 2) (*i.e.* los caracteres que emplean, el concepto de especie adoptado, los diagramas arbóreos, las relaciones taxonómicas consideradas, los grupos empleados y los métodos de reconstrucción histórica), que han sido motivo de grandes polémicas. La revolución por la que ha atravesado la Sistemática desde la década de 1960's y 1970's, ha tenido como resultado un cambio notable en nuestra visión del mundo vivo. Luego de más de doscientos años de estasis Linneana y ante la falta de metodologías críticas y objetivas para estudiar la diversidad de organismos vivos y sus relaciones, se ha sugerido que el paradigma de la **sistemática filogenética o taxonomía cladista**, es el que mejor incorpora las bases conceptuales y metodológicas (métodos explícitos de reconstrucción: relaciones exclusivamente genealógicas, caracteres exclusivamente sinapomórficos, método de parsimonia para evaluar congruencia entre caracteres, grupos monofiléticos) (Cuadro 2) que permiten proponer reconstrucciones filogenéticas y reconocerlas, como el marco para la investigación taxonómica en función de la teoría evolutiva (De Luna, 1995; Mishler & De Luna, 1997).

**Cuadro 2.** Comparación entre las escuelas de la Sistemática.

Características Escuela	EVOLUCIONISTA	FENÉTICA	FILOGENÉTICA
Fundadores/año	Mayr, 1942; Simpson, 1944.	Sokal, &Sneath, 1963.	Hennig, 1968.
Caracteres empleados	Homologías	Cualesquiera	Sinapomorfías
Concepto de especie	Concepto biológico	UnidadesTaxonomicasOperativas (OTU's)	Concepto Filogenético; monofilético
Diagrama arbóreo	Filograma	Fenograma	Cladograma
Relaciones taxonómicas	Genealogía y grado de divergencia	Similitud total	Exclusivamente genealogía
Grupos empleados	Parafiléticos y monofiléticos	Artificiales	Exclusivamente monofiléticos
Método	No explícito	Índices de similitud y técnicas de agrupamiento y ordenación.	Sinapomorfía, parsimonia y monofilia

### La revolución Hennigiana

En realidad se trata de una etapa histórica que ha sido categorizada como “Revolución Hennigiana” (Mishler, 2000) y comprendida como la continuación de la “Revolución Darwiniana”; el nuevo paradigma que dio inicio con la publicación de *Elementos de una Sistemática Filogenética* (Hennig, 1968) incorporó un cuidadoso examen del concepto de **homología**, uno de los conceptos más controversiales en sistemática y un concepto que resulta fundamental, ya que la existencia de caracteres homólogos es índice de parentesco entre especies y taxones superiores.

El concepto moderno de homología está basado en la evidencia de la continuidad histórica de la información, por eso se definió como “una característica compartida por dos organismos debido a que la heredaron de un ancestro común que la poseía” (Wheeler *et al.*, 2006). Se consideran homólogas las características de dos o más taxones que derivan filogenéticamente del mismo carácter (o de un carácter correspondiente) de su antepasado común más próximo. La similitud es un tipo de prueba que ayuda a inferir la homología, sin embargo no todas las similitudes se deben a homología. Después de distinguir entre similitudes homólogas y no homólogas, el examen cuidadoso del concepto derivó, primero, en la distinción de dos tipos de similitudes homólogas: sinapomorfías (homologías derivadas compartidas –recientes-) y las simplesiomorfías (homologías primitivas compartidas –distantes-). Si la evolución es vista como una serie de eventos de divergencia conectados por linajes, los estados anteriores se transforman en estados posteriores a lo largo del linaje, sirviendo como marcadores de la existencia del mismo. Así, pues, sólo la sinapomorfía es útil para reconstruir el orden relativo de los eventos de divergencia en un sistema que está cambiando debido a la descendencia con modificación.

## **Homología**

Una segunda aportación muy importante de la revolución hennigiana ha sido la propuesta explícita del análisis de la homología. De Pina (1991) advirtió que el descubrimiento de la homología involucra dos etapas: la "homología primaria" es una conjetura que argumenta que los caracteres individuales similares son los mismos y representan evidencia de agrupamiento basada en la similitud de la estructura y su posición. De esta forma, la hipótesis inicial de homología se genera sólo por comparación detallada entre los

organismos siguiendo ciertos criterios clásicos: posición, calidad del parecido y continuidad a través de formas intermedias (Wiley, 1981). La "homología secundaria" es una homología primaria que ha sido corroborada por otras homologías mediante un análisis y que caracteriza a un grupo monofilético. Así, el análisis de la homología implica evaluarla y detectar un patrón de herencia que sea consistente en cierto conjunto de caracteres, o sea, reunir evidencia de diversas fuentes de datos y descubrir un patrón mediante un análisis, lo que Patterson (1982) llama *congruencia o prueba de congruencia*. La formulación y legitimación de la homología ha recibido varias denominaciones en la literatura (Brower&Schawaroch 1996; Zelditch *al.*, 1995; de Pinna, 1991), que justamente resaltan la segunda aportación agregada de la revolución hennigiana, así "la homología primaria y secundaria", "los componentes observacionales y teóricos", "la homología topográfica y filogenia", "la correspondencia topográfica y homología", "la prueba preliminar y final" y "la homología y homogenia" son todas, la misma forma de discriminar entre la postulación de la hipótesis y su evaluación. El método más consistente para evaluar la congruencia entre caracteres (diferentes hipótesis de homología) es el método de parsimonia (Felsenstein, 1983).

### **Parsimonia**

En un análisis filogenético, el número de hipótesis depende exclusivamente del número de taxones analizados. Las observaciones que se hayan hecho de los taxones podrían explicar cualquier hipótesis de relaciones, de tal manera que sólo el uso de un criterio permite elegir entre las distintas hipótesis generadas. Bajo el criterio de parsimonia, el árbol óptimo es aquel que tiene la longitud más corta, dado un conjunto de datos particulares (observaciones) y bajo ciertos supuestos sobre la evolución de los caracteres

(Wiley *et al.*, 1991). El modelo de parsimonia más simple asume que todos los estados de carácter tienen la misma probabilidad de cambio y que, por lo tanto, deben ser igualmente “ponderados”. Este supuesto puede conducir a errores en las reconstrucciones históricas y ha tenido como consecuencia la modificación del modelo inicial de parsimonia. El uso de modelos de evolución de caracteres más elaborados es un tema que también ha generado un caluroso debate. Sin embargo todos los métodos de parsimonia (y otros métodos – Máxima Verosimilitud, Métodos de distancia-) pertenecen a una familia de “métodos hennigianos” (Mishler, 2000).

### **Evaluación de hipótesis históricas**

Dentro del marco de la Sistemática Filogenética, la forma tradicional de estimar la “calidad de los datos” o valor filogenético de los caracteres, quizá debido a su simplicidad, es a través del llamado “Índice de consistencia (IC)” (Kluge & Farris, 1969).  $IC = mi/si$ ; donde “*mi*” es el número mínimo de cambios posibles para un carácter dado, cualquier topología considerada y “*si*” es el número de cambios para ajustarse a la topología más parsimoniosa. IC es una medida de la *congruencia* (recordemos que se trata del análisis que legitima la hipótesis de homología) -segunda aportación de la revolución hennigiana- o consistencia de caracteres; es decir, indica el grado de conflicto que existe entre ellos: un carácter es perfectamente consistente (no muestra homoplasia) si los cambios de cualquier estado de carácter se presentan sólo una vez. La homoplasia es igual a cero si el índice es igual a 1 y, por el contrario, cuando el índice es igual a cero, la homoplasia es máxima. Sin embargo, la aseveración de que el IC es un estimador de la señal filogenética que contienen los caracteres debe tomarse con mucha reserva, ya que se trata de un índice que considera indistintamente los datos informativos, de los datos no informativos y

que también es sensible a las autapomorfías (Archie, 1989a); el IC de un carácter informativo y de un carácter no informativo (autapomorfía o estado común a todos los terminales) puede tener el mismo valor para ambos tipos de caracteres, o bien, un árbol “no resuelto” puede presentar un IC = 1, es decir, indicar que no existe homoplasia cuando la topología ni siquiera está resuelta; esto no significa que los caracteres deban ser eliminados de la matriz de datos, sino que su importancia en términos de información filogenética debe ser vista en el contexto de un conjunto de datos y de la topología del árbol; Archie (1989a) presenta una evaluación crítica del comportamiento del IC en respuesta a la adición independiente tanto de taxa como de caracteres en los análisis filogenéticos; además, IC está correlacionado inversamente con el número de taxa, lo que significa que es un índice inapropiado con fines comparativos (Archie, 1989a; 1989b); sobre todo se debe tener mucha precaución al tratar de comparar los datos de naturaleza molecular con otro tipo de datos.

Ante los inconvenientes que representa el IC, otra alternativa para estimar el valor de información histórica que aportan los caracteres es por medio del *Índice de Retención (IR)* (Farris, 1989).  $IR = g-s/g-m$ , donde  $g$  representa el número de pasos necesarios para explicar la evolución de los caracteres, considerando el árbol menos parsimonioso, es decir en una politomía, y  $s$  y  $m$  son los mismos parámetros considerados en el IC. En otras palabras, éste índice considera la peor alternativa de ajuste para el carácter, lo que se consigue optimizando el carácter en una politomía, de esta forma no se puede retener la hipótesis de homología (sinapomorfía). En contraste con el IC, el IR no es sensible a las autapomorfías, pero si al número y distribución de los terminales muestreados, de manera que si se incluyen terminales idénticos en un análisis, el índice de retención se incrementa.

Se han hecho además varias aseveraciones en relación a la utilidad de la homoplasia (Sanderson&Donoghue, 1989; Donoghue&Ree, 2000; Givnish&Sytsma, 1997; Källersjö *et al.*, 1999) en las que se sintetiza el esfuerzo por encontrar la información que nos permita estimar las verdaderas relaciones filogenéticas. Por ejemplo, se han hipotetizado las relaciones entre la homoplasia y el número de caracteres, el número de taxa y/o el rango taxonómico; de la misma forma se han comparado los niveles de homoplasia en plantas y animales y, en menor medida existen los trabajos que comparan niveles de homoplasia en datos moleculares y datos morfológicos (véase Sanderson&Donoghue, 1989; Wyss *et al.*, 1987), señalándose que esta última comparación es menos clara.

Ante las polémicas respecto al análisis de datos (su obtención y organización para estudios comparativos), la construcción de árboles (la inferencia de árboles filogenéticos a partir de esos datos) y la evaluación de las hipótesis (la valoración de la confiabilidad de la filogenia) advertimos que estos campos están sufriendo una revolución metodológica y conceptual sin precedente, que merece ser abordada en cualquier estudio filogenético con la finalidad de adoptar de manera clara una postura no sólo de procedimiento sino también conceptual y filosófica (Sarkar, 2006). Sin duda alguna, estos no sólo no son los únicos debates que se encuentran abiertos actualmente, sino que hay una creciente generación de trabajos respecto a diversas controversias. Después de la revolución científica (Kuhn, 1995), la sistemática filogenética se está adoptando como un cambio en nuestra concepción del mundo vivo. De ahí los acalorados debates que están conformando su establecimiento.

En este sentido, esta tesis se inclina por la adopción de la taxonomía cladista en un sentido amplio, es decir, desde un punto de vista no sólo operacional sino también como una posición filosófica robusta, que permitirá el reconocimiento de grupos monofiléticos y

la formulación de diversas hipótesis de relaciones filogenéticas al interior de taxones que han presentado varios problemas de delimitación taxonómica. Además, la expansión del enfoque filogenético tiene como últimas advertencias no sólo conocer e incorporar los nuevos tipos de datos (*i.e.* moleculares) sino también los nuevos conceptos y métodos de análisis. Los conocimientos sobre filosofía de la ciencia, estadística y evolución molecular, permitirán elegir, informadamente, los métodos a seguir en un análisis cladístico (De Luna *et al.*, 2005).

### **Caracteres**

Históricamente, ha existido una controversia en relación a la utilidad filogenética de los caracteres en función de su naturaleza (citológicos, morfológicos, moleculares, etc.) y su tratamiento en los análisis cladísticos (veáse por ejemplo Pimentel & Riggins, 1987, Thiele, 1993). Una cuestión que no es exclusiva de las algas, sino que forma parte prácticamente de todos los grupos biológicos.

Ya sea, implícita o explícitamente, una tendencia ha sido sugerir que los datos moleculares son más confiables que los datos morfológicos, lo que debe ser tomado con muchas reservas. En primer lugar, porque no es posible designar y calificar una similitud (morfológica o molecular) como homóloga fuera del contexto de su congruencia con otros caracteres. Identificar un carácter como “más informativo” solo es posible hasta después de reunir un conjunto de datos, realizar un análisis cladístico y considerar un cladograma específico (De Luna & Mishler, 1996). Con frecuencia se ha cuestionado el valor de los datos morfológicos para esclarecer filogenias, debido a la susceptibilidad que tienen hacia la evolución convergente y, al mismo tiempo, se resalta que los datos moleculares pueden resolver cuestiones filogenéticas que la morfología deja pendientes (Hillis, 1987;

Sanderson & Donoghue, 1989). Por otra parte, también se han señalado las dificultades para establecer homologías con datos moleculares y se ha sugerido que incluso pueden mostrar más homoplasia, debido al número limitado de estados de carácter y a la dificultad para eliminar la homoplasia en un análisis *a priori* de los mismos, en contraste con los caracteres morfológicos que pasan por un desarrollo, proporcionando un eje temporal de comparación (Mishler *et al.*, 1988). Estas aseveraciones, requieren en realidad, de un análisis cladístico exhaustivo de ambos tipos de datos. Mishler (2000) lo manifiesta, en términos generales, señalando que es claro que ambos conjuntos de datos tienen tanto fortalezas como debilidades que se complementan (por ejemplo, los caracteres moleculares tienen menor complejidad y nivel de comparación que los datos morfológicos; con frecuencia, la morfología no presenta estados de carácter bien definidos como ocurre con las moléculas, sin embargo, estas últimas tienen una base heredable más consistente que los caracteres morfológicos).

Ha sido habitual distinguir entre dos tipos de caracteres: **cuantitativos**, los cuáles pueden ser **continuos** aquellos que se pueden medir, como la longitud de una hoja, que no necesariamente es un número entero y potencialmente forma un gradiente de continuidad, es decir una escala numérica que podría dividirse infinitamente **o discretos (merísticos o discontinuos)** aquellos en los que la medición individual es un número entero, como el número de pétalos en una flor. Además, en la literatura, se habla también de otro tipo de caracteres, **los cualitativos**, que son aquellas observaciones que se reducen a una cantidad particular que bien podría ser expresada con palabras: *i.e.* el monto de tejido lignificado, la textura del calix o la presencia de un determinado tipo de sustancia química (Stevens, 1991).

Al mismo tiempo, existe un aspecto de los caracteres morfológicos que ha resultado muy controversial en la literatura sistemática; el tema se refiere al hecho de que, dado que la mayoría de los programas de computo para los análisis de parsimonia sólo aceptan “datos discretos” *as in put*, se han desatado cuestionamientos relativos a cómo seleccionar los caracteres morfológicos y cómo definir, delimitar, codificar y ordenar los estados de caracter.

Así, clasificación de la variación en cuantitativa y cualitativa, aunque es común, ha sido de poca ayuda, puesto que, como ya se señaló, los datos deben ser discretos para poder ser utilizados en los análisis filogenéticos.

De esta forma se ha desarrollado una serie de fundamentos teóricos y metodológicos para discretizar o codificar la variación cuantitativa (Mikckevich & Johnson, 1976; Almeida & Bisby, 1984; Thiele, 1993; Sosa & De Luna, 1998; Guerrero *et al.*, 2003). Incluso una postura (Goloboff *et al.*, 2006) argumenta que la variación puede ser utilizada “*as such*”, es decir, sin ser codificada previamente.

Varios biólogos han concluido que no hay un criterio válido para dividir los datos cuantitativos en estados discretos, porque los caracteres cuantitativos son inherentemente continuos; en opinión de Thiele (1993) el problema también se concentra en el grado de solapamiento del caracter, es decir, en el hecho de que el intervalo de variación de una característica dentro un taxón contenga valores que también se encuentran en el intervalo de variación de otro taxón. Algunas posturas argumentan que los caracteres merísticos no aportan ninguna información filogenética (Pimentel & Riggins, 1987; Felsenstein, 1988). Otras posturas afirman que el problema con los análisis filogenéticos de datos cuantitativos se aloja en los métodos particulares utilizados para codificar y no en la codificación en sí misma (Stevens, 1991; Swiderski *et al.*, 1998; Thiele, 1993; Wiens, 2001;

García-Cruz & Sosa, 2006). Esta última postura concluye que los caracteres morfológicos (cuantitativos continuos y merísticos) poseen información filogenética y podría ser recuperada. De esta manera, reconocer los estados de carácter se ha convertido en una etapa fundamental en los análisis filogenéticos, por lo que una parte metodológica muy interesante que se ha desarrollado al respecto, consiste en aplicar métodos que permitan detectarlos o delimitarlos.

Los datos moleculares no presentan mucha controversia en cuanto a su codificación y análisis; sin embargo, han dado pie a una serie de problemas analíticos *dinovo*. Quizá la controversia más importante sea el debate entre “homología estática” vs. “homología dinámica” (Wheeler *et al.*, 2006), por mencionar alguna.

Al parecer también puede resultar difícil concentrar en una sola área de conocimiento la solución del problema. Como señalan Vroom *et al.* (1998), la morfología por si sola podría sobreestimar el verdadero valor de la diversidad dentro de un grupo, en este caso, las algas. Un análisis cladístico de secuencias de ADN puede ofrecer una base objetiva y estratégica para establecer filogenias, sobre todo cuando se comparan con análisis de datos no moleculares (Woolcott *et al.*, 2000). Mishler (2000) resume que el futuro de un análisis filogenético determinado está en función de la cuidadosa elección de caracteres (discretos, heredables, independientes y con una baja tasa de cambio) en un nivel filogenético definido.

### **La evidencia: ¿fenotipo o genotipo?**

Tradicionalmente los análisis filogenéticos habían estado basados en evidencia fenotípica, derivada de diversas fuentes comparativas (morfología, fisiología, etología).

Como apuntábamos, en los últimos años se ha acelerado el acceso al uso de caracteres

moleculares (cromosomas, proteínas, ácidos nucleicos). La distinción entre datos morfológicos y datos moleculares ha originado ciertas controversias. Por ejemplo, la variación fenotípica ha recibido la siguiente crítica (entre otras): “la variación encontrada puede ser resultado de transformación heredable -característica deseable- (Mishler, 2000) o bien deberse a efectos ambientales, lo que puede confundir la información filogenética”. Al menos inicialmente se debe operar bajo el principio de que cualquier tipo de datos (evidencia) tiene el mismo valor para discriminar entre escenarios filogenéticos. Es decir, cualquier fuente de información obtenida de cualquier forma posee valor para probar hipótesis históricas. Esto no significa que todos los datos son igualmente informativos, sino que su valor taxonómico sólo se puede inferir después de un análisis sistemático (Wheeler *et al.*, 2006), por lo que no debe haber ninguna idea preconcebida sobre la utilidad de los caracteres. En otras palabras, la noción de carácter filogenético, no conforma “clases lógicas” de datos en función de su habilidad para diferenciar entre hipótesis. Los datos pueden dividirse y ordenarse en una gama de clases funcionales, estructurales u observacionales, pero estos esquemas no portan un contenido de evidencia histórica *per se*.

La anatomía, el comportamiento y/o los datos moleculares son todos potencialmente informativos. No hay razón para segregar algún tipo de carácter. Sólo hay datos que, *después de un análisis*, pueden *objetivamente*, distinguir entre hipótesis y aquellos que no lo hacen. Por lo tanto los caracteres no se deben eliminar por considerarlos “convergencias” *a priori*, ya que el hecho de que un carácter sea informativo, o no, depende de su congruencia con otros caracteres (De Luna & Mishler, 1996).

Resumiendo, no debe haber ninguna razón para subestimar el valor filogenético de los caracteres y que su utilidad en la reconstrucción filogenética es merecedora de un análisis cladístico exhaustivo.

### **Filogenias moleculares y algas**

La biología molecular de las algas y su uso en estudios filogenéticos, comenzaron a ser explorados como resultado del advenimiento de la actual "era de la genómica comparativa" (Sarkar, 2006; Medlin *et al.*, 2007), que dio inicio hace un poco más de 30 años cuando se implementó la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Desde entonces, el uso de caracteres moleculares ha tenido un papel muy importante en la elucidación de las relaciones filogenéticas de los distintos grupos de algas y, al mismo tiempo ha desatado polémicas referentes a la clasificación y conceptualización de los grupos (Pröschold & Leliaert, 2007); considerando que las características morfológicas de muchos grupos de algas carecen de importancia para delimitar especies, las herramientas moleculares comenzaron a utilizarse para dilucidar las relaciones filogenéticas de estos grupos (Pedroche, 1998; 2001).

A este respecto y en particular el estudio de las Chlorophyta, Leliaert *et al.* (2012) presentan una revisión amplia de la filogenia de este grupo en la que delinean las relaciones de los grandes clados, recalando que para el establecimiento de esta visión de las relaciones filogenéticas ha sido importante el uso de diversos marcadores moleculares.

Hasta hace relativamente poco tiempo, la monofilia de la clase Ulvophyceae y su estructura filogenética interna quedó establecida utilizando análisis multigenes (18S ADNr y otros genes nucleares y de cloroplasto) (Friedl & Rybalka, 2012; Cocquyt, *et al.*, 2010).

Dentro de esta Clase existen trabajos, con caracteres moleculares y/o morfológicos, a nivel

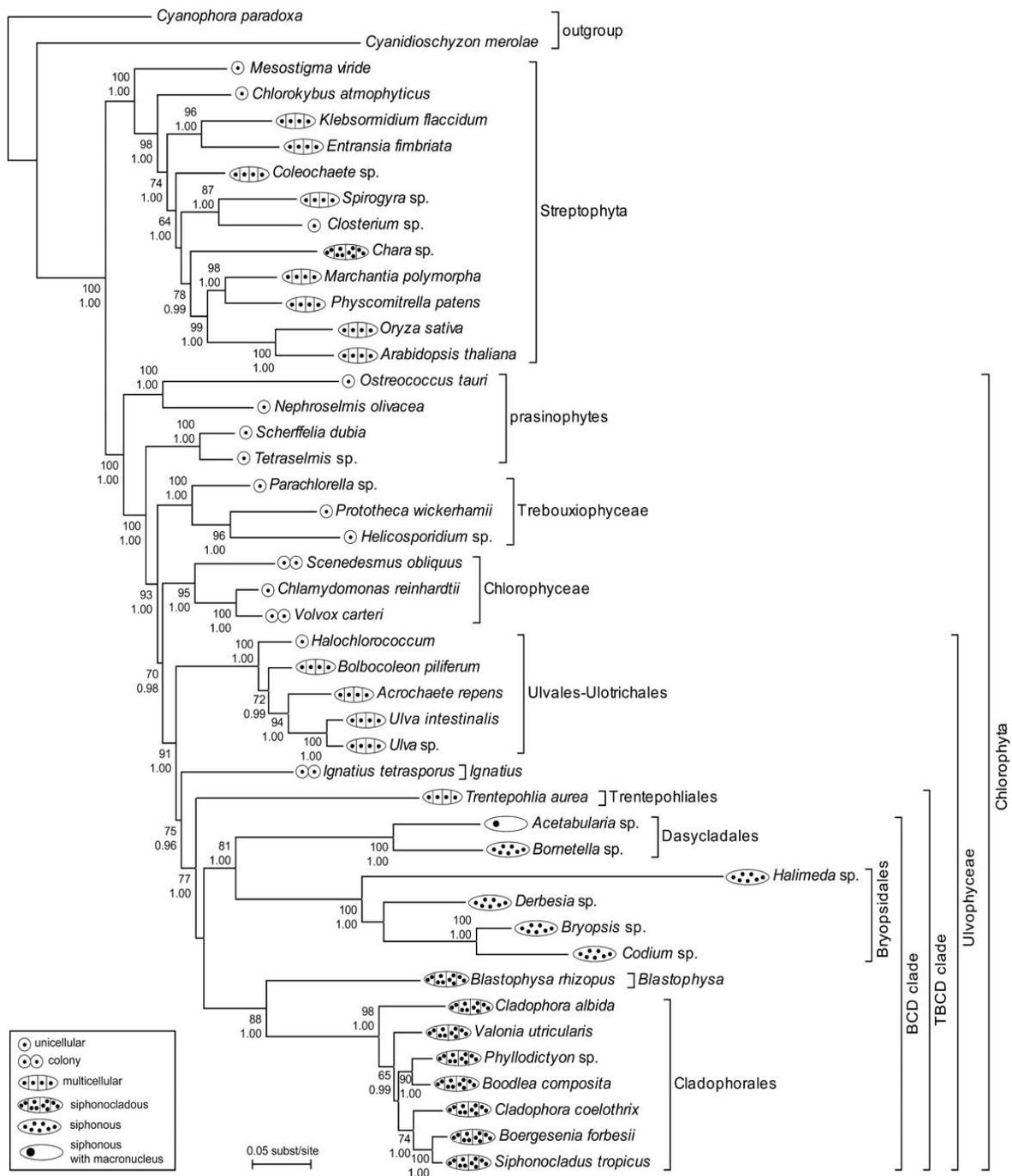
del orden Bryopsidales (Vroom *et. al.*, 1998) y de la familia Bryopsidaceae (Woolcott *et. al.* 2000). El contexto en el que se justifican estos trabajos resalta, por un lado, la carencia de caracteres morfológicos y, por otra parte, la búsqueda y distinción de caracteres filogenéticamente informativos de aquellos que no lo son. Un resultado de esta estructura filogenética fue el establecimiento del género *Derbesia* como grupo externo del género *Bryopsis* (Figura 3). El género *Lambia* es otro grupo externo cercano a *Bryopsis* que está apoyado por las secuencias del marcador *psbA* (Krellwitz *et al.*, 2001).

### **El género *Bryopsis***

Las descripciones originales entre *Bryopsis pennata*, *B. plumosa* y *B. hypnoides*, difieren en el arreglo radial de las ramas de la fronda de *B. hypnoides*, en contraste con el arreglo dístico en las otras dos, así como de la forma deltoide de la fronda en *B. plumosa* y lanceolada en *B. pennata*.

Algunas de las especies de *Bryopsis* están descritas únicamente en función de caracteres morfológicos, sin embargo varias de ellas presentan morfotipos intermedios, lo que es un reflejo de la naturaleza continua de la variación morfológica y los consecuentes problemas en la delimitación de especies dentro del género. Esta dificultad en encontrar discontinuidades en los patrones de variación morfológica, está intrínsecamente relacionada con la naturaleza cenocítica del talo.

Por ejemplo, la longitud relativa de las pínulas marca la diferencia entre la fronda lanceolada de *Bryopsis pennata* de la fronda deltoide de *B. plumosa* y el mantenimiento de la forma es dependiente o está determinado, o al menos altamente regulado, por el crecimiento de las pínulas.



**Figura 3.** Filogenia de las algas verdes resultado de un análisis de máxima verosimilitud con siete genes nucleares, el gen ADNr SSUy los genes de cloroplasto *rbcl* y *atpB*(Tomado de Cocquyt, *et al.*,2010). Un resultado de éste análisis fue el establecimiento del género *Derbesia* como grupo externo del género *Bryopsis*.

Sin embargo, tanto en cultivos como en material recolectado, las plantas que crecen en condiciones limitadas de luz o nutrientes, muestran que las pínulas pueden reanudar un rápido crecimiento de manera que las frondas desarrollan una apariencia corimbosa. Cuando este tipo de cambio tiene lugar en cultivos deficientes en nutrientes de *Bryopsis plumosa* y *B. hypnoides*, no pueden distinguirse los morfotipos (Krellwitz, *et al.*, 2001).

Uno de los principales antecedentes taxonómicos que justifican este trabajo es el análisis realizado por Krellwitz *et al.* (2001), donde se reconoce que con frecuencia existe una confusión en la identificación de las especies de *Bryopsis*, debido a la continuidad en la variación de la morfología; en ese estudio se analizaron caracteres moleculares (*psbB*) y morfológicos de las especies de *Bryopsis* que se distribuyen en la costa este de Norteamérica (sin incluir el Golfo de México) y en el Mar Caribe, con el objetivo de comparar la utilidad de estos dos tipos de caracteres. Una conclusión importante de este trabajo es que las secuencias del gen *psbB* proporcionan una hipótesis robusta de relaciones filogenéticas que podría ser contrastada con otros trabajos, por ejemplo con la propuesta que se pretende generar en esta tesis.

## OBJETIVOS

- Evaluar la utilidad del marcador molecular *psbB*, en la formulación de hipótesis filogenéticas para las especies del género *Bryopsis* en el Atlántico mexicano.
- Determinar la correspondencia, si es que existe, entre los clados reconocidos en un análisis de datos moleculares con las especies morfológicas.

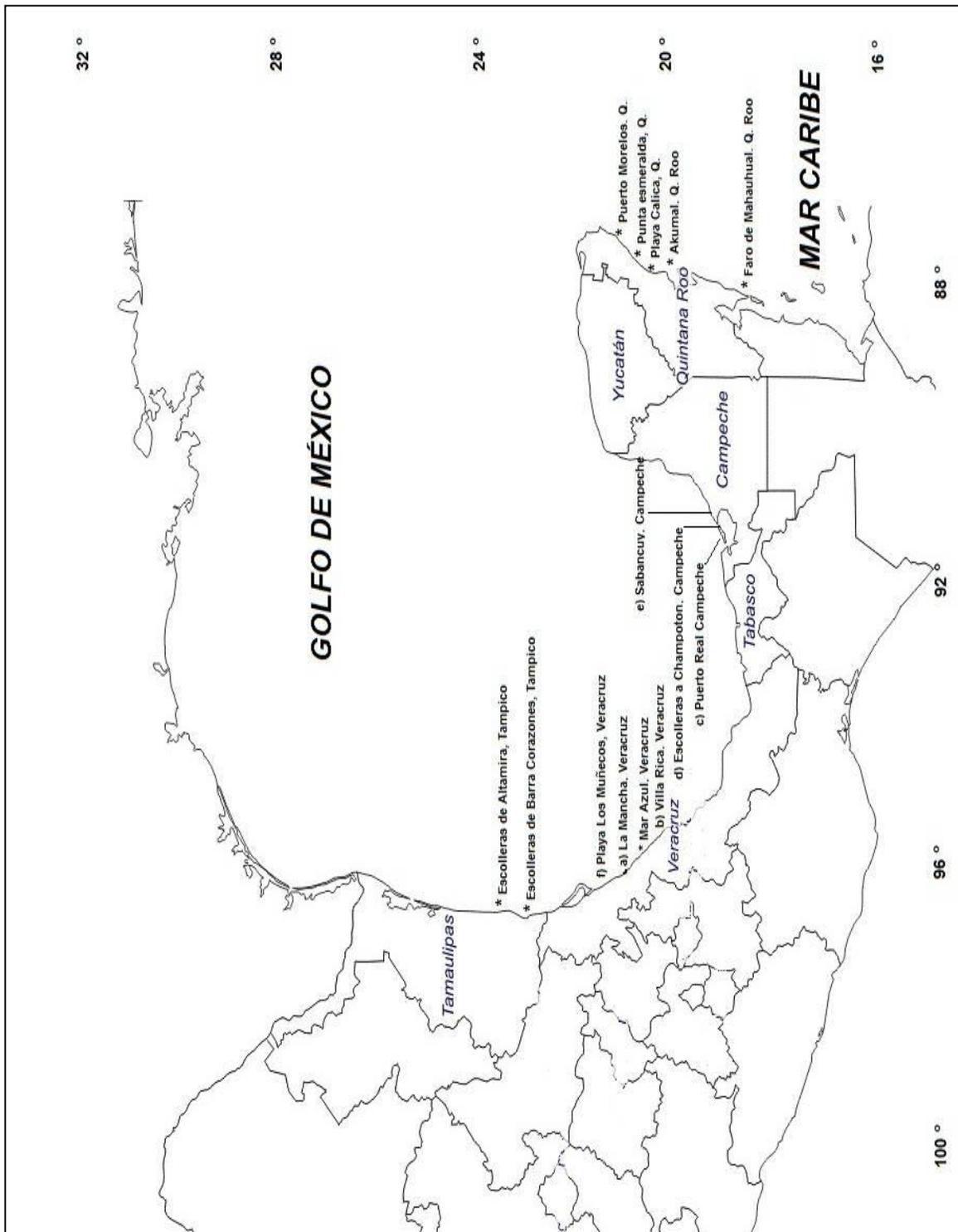
## **METODOLOGÍA**

### **1. Muestreo de terminales y obtención del material biológico**

El muestreo ideal, consistiría en tener recolectados ejemplares de toda la costa del Atlántico mexicano, con la finalidad de evaluar todo el gradiente de variación morfológica que pudiera presentarse. Sin embargo, esto resulta muy complejo debido a factores tanto de índole práctico (i.e. recursos limitados, acceso a localidades, etc.) como biológicos (i.e. estacionalidad de los gametofitos, clima, etc.). Con esta idea en mente, se visitaron localidades selectas de la costa mexicana del Atlántico (Figura 4; Cuadro 3), en las que fueron recolectados un total de 27 ejemplares (Cuadro 3).

Aunque en la mayoría de los casos el material biológico fue muy escaso, cuando se encontraron grupos de frondas abundantes estos fueron considerados como individuos, de los cuales una porción fue prensada, otra recolectada en alcohol al 70%, secada en sílica gel y algunos se transportaron *in vivo* dentro de viales de 50 mL con un poco de agua marina, para ello se empleó una hielera, permitiendo la oxigenación y cambiando el agua con la finalidad de tener una mejor preservación, para el estudio de caracteres moleculares. En este último caso, los ejemplares se procesaron inmediatamente después de llegar al laboratorio.

Además de la generación de secuencias de estos ejemplares recolectados, se trabajó con diez ejemplares más que fueron preservados en sílica gel, por F. Pedroche y que se encuentran depositados en la colección de macroalgas del Herbario Metropolitano (UAMIZ) de la UAM-I, dentro de los cuales se incluyen dos ejemplares del género *Derbesia* que fueron utilizados como grupo externo en el análisis (Cuadro 3).



**Figura 4.** Localidades visitadas en la recolecta a lo largo de las costas del Golfo de México y Caribe mexicano. Los incisos a) - f) indican las localidades donde fueron recolectados ejemplares de *Bryopsis* (Cuadro 3).

**Cuadro 3.** Localidades visitadas, ejemplares recolectados y ejemplares del herbario UAMIZ. **H:** herborizados, **SG:** Silica gel, **OH:** Alcohol, **iv:** in vivo. **a=** La Mancha, Punta Morro, Ver.; **b=** Villa Rica, Ver.; **c=** Puerto Real, Campeche; **d=** Escolleras, Km. 48 a Champoton, Campeche; **e=** Sabancuy, Campeche; **f=** Playa Los Muñecos, Ver.; **g=** Penacho de Indio, Ver. **h=** Mata de Uva, Ver.; **i=** Cuba; **j=** Boca Andrea, Ver.; **k=** Isla Mujeres, Quintana Roo. \*Ejemplares recolectados por la Dra. Alejandrina G. Ávila Ortiz del herbario de la FES-Zaragoza, UNAM y \*\*Ejemplar recolectado por la Dra. Johana Díaz Larrea.

Ejemplares recolectados	H	SG	OH	iv	Localidad	Fecha
<b>GOLFO DE MÉXICO CENTRO</b>						
<i>Bryopsis</i> 01	x	x	x	x	a	20/10/2006
<i>Bryopsis</i> 02	x	x	x	x	a	20/10/2006
<i>Bryopsis</i> 03	x	x	x	x	a	20/10/2006
<i>Bryopsis</i> 04	x	x	x	x	a	20/10/2006
<i>Bryopsis</i> 05	x	x	x	x	a	20/10/2006
<i>Bryopsis</i> 06	x	x	x	x	a	20/10/2006
<i>Bryopsis</i> 07	x	x		x	b	21/10/2006
<i>Bryopsis</i> 08	x			x	b	21/10/2006
<i>Bryopsis</i> 09	x			x	b	21/10/2006
<b>GOLFO DE MÉXICO SUR</b>						
<i>Bryopsis</i> 10*	x	x			c	04/12/2007
<i>Bryopsis</i> 11*	x	x			c	04/12/2007
<i>Bryopsis</i> 12	x	x	x		c	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 13	x	x	x		c	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 14	x	x	x		c	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 15	x	x	x		c	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 16	x	x	x		d	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 17	x	x	x		d	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 18	x	x	x		d	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 19	x	x	x		e	13/06/2007
<i>Bryopsis</i> 20	x	x			c	09/04/2007
<i>Bryopsis</i> 21	x	x			c	09/04/2007
<i>Bryopsis</i> 22	x	x			c	09/04/2007
<i>Bryopsis</i> 51	x	x			f	23/05/2009
<i>Bryopsis</i> 52	x	x			f	23/05/2009
<i>Bryopsis</i> 53	x	x			f	23/05/2009
<i>Bryopsis</i> 54	x	x			f	23/05/2009
<i>Bryopsis</i> 55	x	x			f	23/05/2009
<b>Ejemplares del Herbario UAMIZ</b>						
<i>Bryopsis</i> 298-16		x			g	13/05/2004
<i>Bryopsis</i> 300-18		x			h	14/05/2004
<i>Bryopsis</i> 301-21		x			b	15/05/2004
<i>Bryopsis</i> 448 **		x			i	29/07/2004
<i>Bryopsis</i> 476		x			j	21/09/2004
<i>B. plumosa</i> 488		x			k	23/02/2006
<i>Bryopsis</i> 514-13		x			k	28/12/2003
<i>Bryopsis</i> 514-14		x			k	28/12/2003
<i>Derbesia</i> 222		x				
<i>Derbesia</i> 226		x				

Información adicional complementaria fue obtenida de GenBank donde se recuperaron un total de 44 secuencias del gen *psbB* (Cuadro 4), generadas durante el trabajo de Krellwitz *et al.* (2001), que involucra ejemplares recolectados principalmente en la costa norte del Atlántico de los Estados Unidos, pero que además incluye ejemplares del Caribe, europeos, australianos, dos de California (en el Pacífico de los Estados Unidos) y un ejemplar japonés. A las secuencias de *Derbesia* se sumó la de *Lambia antarctica* (Skottsberg) Delépine, que fueron usadas en el presente trabajo como grupos externos.

En resumen, el muestreo involucró un núcleo importante de ejemplares “mexicanos” (aunque no está representada la parte norte del Golfo de México), así como la inclusión de ejemplares del Pacífico, ejemplares de una región más septentrional en la costa del Atlántico, ejemplares europeos y australianos.

## **2. Caracteres moleculares**

### **a) Extracción de ADN**

Para los 27 ejemplares recolectados y los diez ejemplares de herbario de la UAM-I, se realizó la extracción de ADN genómico con el juego de químicos Quiagen, cuyo método está basado en Palmer (1986) y Doyle & Doyle (1987).

### **b) Amplificación vía PCR**

Se amplificó el gen del cloroplasto *psbB*; se trata de un gen que codifica para la proteína P5 (CP-47) que es una subunidad de las proteínas que conforman el fotosistema II en la membrana tilacoidal.

En la mayoría de los casos, para la amplificación se realizaron diluciones de las extracciones de ADN, entre 1: 10 y 1:1000, con agua bidestilada y filtrada. Las reacciones

se llevaron a cabo con un termociclador *Touchgene Gradient Techne*, con 39 ciclos. Los ciclos correspondientes a desnaturalización, alineamiento y extensión fueron de 93° C X 30", 52° C X 1' y 72° C X 1', respectivamente.

**Cuadro 4.** Listado de secuencias del marcador molecular *psbB* para el género *Bryopsis*, obtenidas de GenBank y utilizadas en este trabajo. AF170374 y AF170377 corresponden a *B. pennata*; AF170412 fue determinado como *B. plumosa*, AF170399 como *B. hypnoides* y AF170403 como *B. maxima*. El ejemplar AF170416 corresponde a un ejemplar de *Lambia antarctica* que fue utilizado como grupo externo en los análisis. \*pb = pares de bases de la secuencia.

No. de acceso en GenBank	Localidad	pb*	No. de acceso en GenBank	Localidad	pb*
AF170416		278	AF170392	Beaufort, North Carolina	539
AF170413	ConceptionBay, Newfoundland	549	AF170394	Beaufort, North Carolina	539
AF170414	ConceptionBay, Newfoundland	548	AF170410	Isle of Palms, South Carolina	548
AF170395	Virginia Beach, Virginia	557	AF170383	Hilton Head, South Carolina	539
AF170396	Virginia Beach, Virginia	557	AF170385	Hilton Head, South Carolina	539
AF170397	Virginia Beach, Virginia	557	AF170393	Hilton Head, South Carolina	539
AF170398	Virginia Beach, Virginia	557	AF170389	Brunswick, Georgia	539
AF170400	Virginia Beach, Virginia	557	AF170378	Long Key, Florida	557
AF170401	Virginia Beach, Virginia	557	AF170379	Long Key, Florida	536
AF170402	Virginia Beach, Virginia	557	AF170407	Long Key, Florida	547
AF170404	Virginia Beach, Virginia	557	AF170373	Key West, Florida	556
AF170405	Virginia Beach, Virginia	557	AF170376	Rootnest Island, Australia	553
AF170406	Virginia Beach, Virginia	557	AF170375	Lady Elliot Island, Australia	552
AF170408	Virginia Beach, Virginia	548	AF170411	Sydney, Australia	547
AF170409	Wilmington, North Carolina	548	AF170399	Grevelingen, Netherlands	557
AF170415	Beaufort, North Carolina	548	AF170412	Grevelingen, Netherlands	544
AF170384	Beaufort, North Carolina	539	AF170403	Choshi-shi, Japan	557
AF170386	Beaufort, North Carolina	533	AF170381	Monterrey, California	551
AF170387	Beaufort, North Carolina	539	AF170382	Princeton, California	551
AF170388	Beaufort, North Carolina	539	AF170374	Isla Magueyes, Puerto Rico	557
AF170390	Beaufort, North Carolina	539	AF170377	San Juan, Puerto Rico	540
AF170391	Beaufort, North Carolina	539	AF170380	ATL-Sur Cozumel, México	538

### c) Secuenciación y alineamiento

Para las reacciones de secuenciación se utilizaron los químicos de la compañía Perkin Elmer (*PRISM™*Dye Terminator Cycle Sequencing Reaction Kit) y las secuencias fueron leídas automáticamente por un secuenciador ABI- 377 (*AppliedBiosystem™*). Debido a las dificultades que se enfrentan al alinear secuencias usando un programa de alineamiento

se optó por realizar un alineamiento “a ojo” (*sensu* Ochoterena, 2009) como la mejor alternativa para el establecimiento de las hipótesis de homología. El alineamiento “a ojo” se realizó con ayuda del programa Phylogenetic Data Editor, versión 0.997 (Müller *et al.*, 2010).

Cuando se alinean secuencias de ADN se pueden establecer patrones que reflejan eventos evolutivos potenciales explícitos. Debido a la presencia de estas regiones, útiles para obtener información potencial sobre la filogenia, se llevó a cabo el reconocimiento de estos eventos microestructurales potenciales de evolución, con la finalidad de que se puedan postular como hipótesis de homología, de hecho la codificación de estos arreglos microestructurales es la única forma de incluirlos en un análisis filogenético (Ochoterena, 2009). Los patrones más comunes de arreglos en el ADN incluyen: 1. Repeticiones de secuencias en tándem (STR), que pueden ser repeticiones de un nucleótido o de más de un nucleótido (poli A's o múltiples AC's, por ejemplo). 2. Repeticiones de secuencias simples (SSR). Éstas no se dan en tándem y generalmente involucran una mayor diversidad de nucleótidos (de 3 a 73; Borsch *et al.* 2003). 3. Indels que no implican repeticiones (GAPS) y 4. Inversiones.

Además de que estos eventos evolutivos se pueden postular como hipótesis de homología, también pueden ayudar a resolver alineamientos ambiguos.

Entre las tres estrategias generales para el alineamiento de secuencias de ADN, por el momento, el alineamiento a ojo es, sin duda, el que mejor permite la identificación de los patrones mencionados.

Como en cualquier análisis cladístico, cuando se sugieren los eventos putativos que producen un patrón determinado, estos necesitan ser codificados para que tengan efecto en el análisis. La codificación de estos eventos implicó la creación de una matriz cuyos

caracteres son los eventos potenciales; de esta forma, estas regiones fueron incluidas en el análisis. La propuesta que se toma en este trabajo para codificar los eventos de evolución consistió en contabilizar directamente el número de posiciones involucradas en el evento y transformarlas a estados de carácter (Ochoterena, 2009). En el caso de los gaps simples se codificaron como presencia/ausencia y cuando hubo gaps anidados, estos se codificaron como valores inaplicables para los gaps más inclusivos. Una vez completada la matriz de caracteres microestructurales, ésta se concatenó a la matriz de bases nucleicas.

#### ***d) Análisis filogenético***

Para llevar a cabo el análisis filogenético, se adoptó el punto de vista filosófico del deductivismo, empleado por la parsimonia, cuyo criterio de optimalidad es la corroboración-refutación, en contraste con el inductivismo cuyo criterio es la probabilidad-verificación. Aún cuando ambos métodos utilizan algoritmos similares para la búsqueda de agrupaciones, filosóficamente son incompatibles, por lo que se considera que no es apropiado aplicar ambos criterios (ser ecléctico) en la búsqueda de estas agrupaciones. Por esta razón se considera que, científicamente, es más apropiado proceder deductivamente (Popper, 1959) como lo hace el método de parsimonia (De Luna, 1996; Nixon y Ochoterena, 2001).

De ésta forma, se realizó un análisis de “parsimonia de matraca” con Nona (Goloboff, 1999) empleando la interface de WinClada (Nixon, 1999) [<http://www.cladistics.com>], estableciendo 500 iteraciones por réplica, reteniendo 20 árboles en cada iteración y muestreando 60 caracteres al azar en cada perturbación de la matriz.

Todas las posiciones fueron establecidas como “no aditivas” e igualmente pesadas; los “gaps” se trataron como valores faltantes. Se analizó la presencia de *Motifs* (Ochoterena, 2009) en la matriz de datos moleculares para su codificación. El uso de *Lambia antarctica* como el grupo externo más cercano a *Bryopsis* está apoyado por las secuencias del marcador molecular *psbA* dentro de la subfamilia Bryopsidinae que sugiere que estos dos taxa son grupos hermanos (Krellwitz *et al.* 2001). Por otra parte, el género *Derbesia* que también se usa como grupo externo, está bien establecido como grupo hermano de *Bryopsis* dentro de la familia Derbesiaceae, (Bryopsidales) (Friedl & Rybalka, 2012).

## RESULTADOS

De los 27 ejemplares recolectados se lograron amplificar con éxito 14 muestras con una longitud promedio de 612 pares de bases antes del alineamiento. Por otro lado, 8 de los 10 ejemplares de herbario se secuenciaron con una longitud promedio de 597 pares de bases. Finalmente, las 44 secuencias rescatadas de GenBank tienen una longitud promedio de 548 pares de bases. En total, las 66 secuencias utilizadas en el estudio tienen una longitud promedio de 586 pares de bases, previo al alineamiento (Cuadros 4 y 5).

La matriz alineada original fue de un total de 675 pares de bases, a la cual se sumaron 55 caracteres, correspondientes a las codificaciones de los eventos potenciales de evolución molecular o “motifs”. Los eventos identificados en la matriz fueron Repeticiones de Secuencias en Tándem (STR) o microsátélites e Indels sin repeticiones, es decir Gaps simples y Gaps anidados (Anexo 1). Como resultado se tuvo una matriz de 730 caracteres, de la que fueron eliminadas 30 posiciones correspondientes a un “hotspot” o región hipervariable en las posiciones 306-335, donde el alineamiento se volvió problemático y ambiguo, por lo que se optó por excluir estas 30 posiciones de la matriz. De esta forma, la matriz construida para *psbB* tuvo un total de 66 taxa (Cuadros 4 y 5) y el alineamiento final fue de 700 pares de bases (Anexo 2) de los cuales 388 fueron eliminados por ser “no informativos”, mientras que 312 sitios potencialmente informativos fueron considerados para el análisis (Anexo 3).

**Cuadro 5.** Resultados de la amplificación vía PCR (número de pares de bases –pb–), para el marcador *psbB*. Véanse las localidades, condiciones y fechas de colecta en la tabla 3, para los ejemplares recolectados y de herbario respectivamente. \*Ejemplares recolectados por la Dra. Alejandrina G. Ávila Ortiz del herbario de la FES-Zaragoza, UNAM.

<b>a) EJEMPLARES RECOLECTADOS</b>	
	<b>pb</b>
<i>Bryopsis</i> 03	606
<i>Bryopsis</i> 10*	620
<i>Bryopsis</i> 11*	641
<i>Bryopsis</i> 12	620
<i>Bryopsis</i> 13	632
<i>Bryopsis</i> 14	626
<i>Bryopsis</i> 15	604
<i>Bryopsis</i> 18	613
<i>Bryopsis</i> 19	614
<i>Bryopsis</i> 20	574
<i>Bryopsis</i> 21	545
<i>Bryopsis</i> 22	629
<i>Bryopsis</i> 53	625
<i>Bryopsis</i> 55	618
<b>b) EJEMPLARES DE HERBARIO</b>	
<i>Bryopsis</i> 298	594
<i>Bryopsis</i> 300-18	590
<i>Bryopsis</i> 476	601
<i>B. plumosa</i> 488	620
<i>Bryopsis</i> 514-13	628
<i>Bryopsis</i> 514-14	616
<i>Derbesia</i> 222	586
<i>Derbesia</i> 226	544

## Análisis filogenético

El análisis de parsimonia de matraca resultó en 298 árboles igualmente parsimoniosos. En el árbol consenso estricto (Figura 4), la longitud fue de 808 pasos con un IC = 0.61 e IR = 0.88. La topología resuelta de este árbol es congruente con los clados resueltos en el trabajo de Krellwitz *et al.* (2001), clados A, B, C, D, E y E' (Figura 4).

## Divergencia nucleotídica

Se estimó también, como otro elemento de razonamiento, la divergencia genética presente en las secuencias analizadas. Para ello se construyó una matriz con todos los taxa del estudio (Anexo 4); así como una matriz entre clados (Cuadro 6) y una tabla de divergencias máximas dentro de cada uno de los clados (Cuadro 7). Estos análisis se llevaron a cabo en MEGA6 (Tamura *et al.*, 2013), utilizando el modelo evolutivo de Tamura 3-parámetros (Tamura, 1992) e involucraron a los 66 taxa del estudio (incluidos los grupos externos –GE).

De esta manera, podemos observar que para *psbB*, las divergencias con respecto al grupo externo (divergencia entre géneros) se encuentran entre 0.214(21.4%) y 0.378 (37.8%) (Anexo 4). La tabla 6 nos permite apreciar que la menor divergencia entre clados (**interespecífica**) se presenta entre los clados G y F con un valor de 0.004(0.4%). Entre los clado A y B, donde se encuentran algunos ejemplares nomenclaturalmente determinados, la divergencia tiene un valor de 0.049 (4.9%).

La mayor divergencia dentro de los clados (**intraespecífica**) se presenta en el clado C con un valor de 0.040 (4%) y la menor dentro del clado D con un valor de 0 (Cuadro 7).

**Cuadro 6.** Matriz de Distancias Genéticas entre clados. Los clados A-H corresponden a los señalados en la topología de la Figura 4. GE es el grupo externo.

Clados	E´	E	G	C	H	F	B	GE	A	D
E´										
E	0.032									
G	0.017	0.022								
C	0.121	0.102	0.111							
H	0.021	0.030	0.008	0.116						
F	0.020	0.023	0.004	0.114	0.011					
B	0.083	0.065	0.072	0.086	0.081	0.074				
GE	0.304	0.309	0.308	0.331	0.311	0.313	0.296			
A	0.100	0.085	0.092	0.081	0.101	0.093	0.049	0.316		
D	0.112	0.092	0.102	0.079	0.106	0.105	0.065	0.288	0.066	

**Cuadro 7.** Divergencias Genéticas Máximas (DGM) dentro de cada uno de los clados resueltos en la topología del análisis.

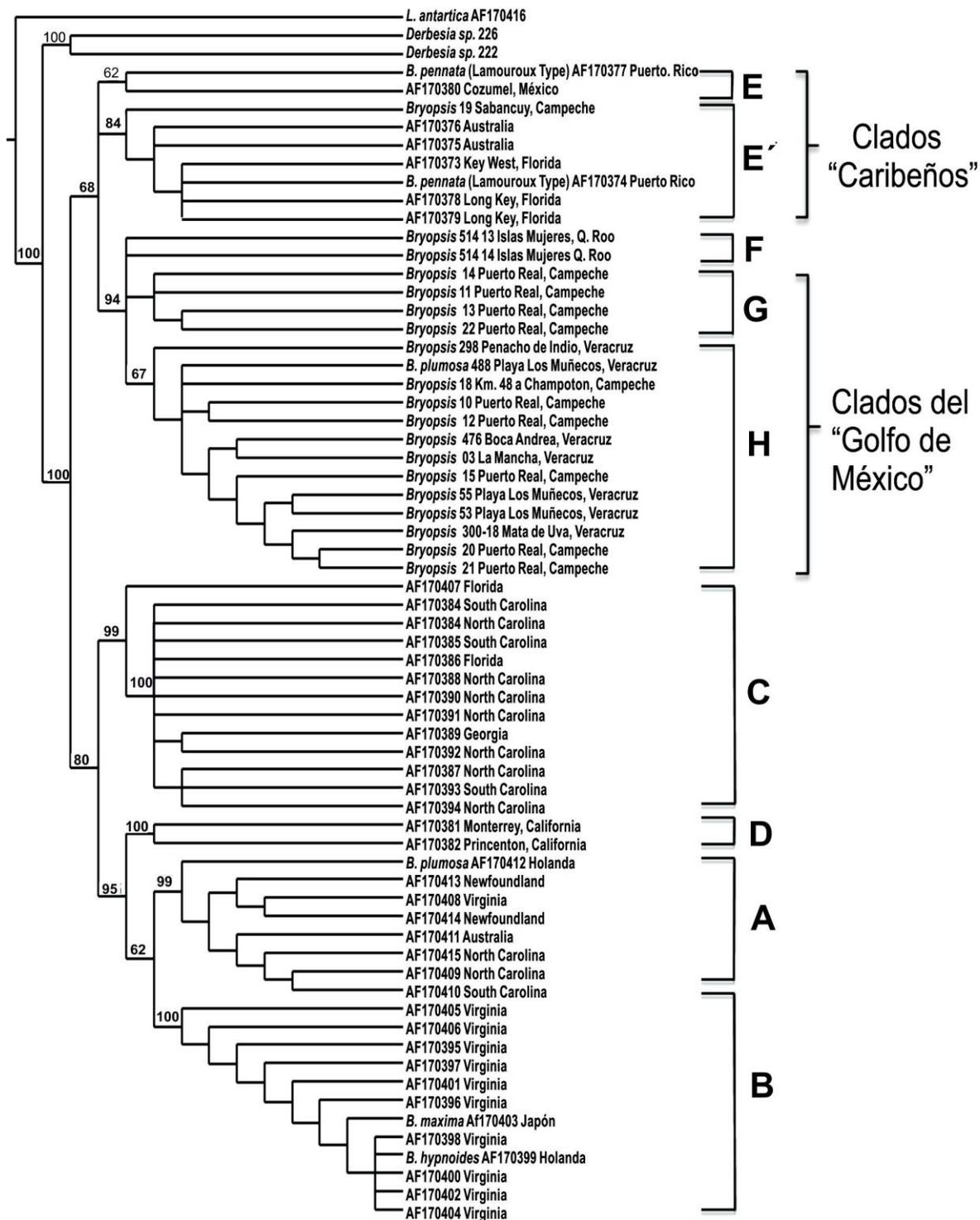
	Clado A	Clado B	Clado C	Clado D	Clado E	Clado E´	Clado F	Clado G	Clado H
<b>DGM</b>	0.017	0.006	0.040	0.000	0.034	0.023	0.006	0.006	0.034

## Morfoespecies

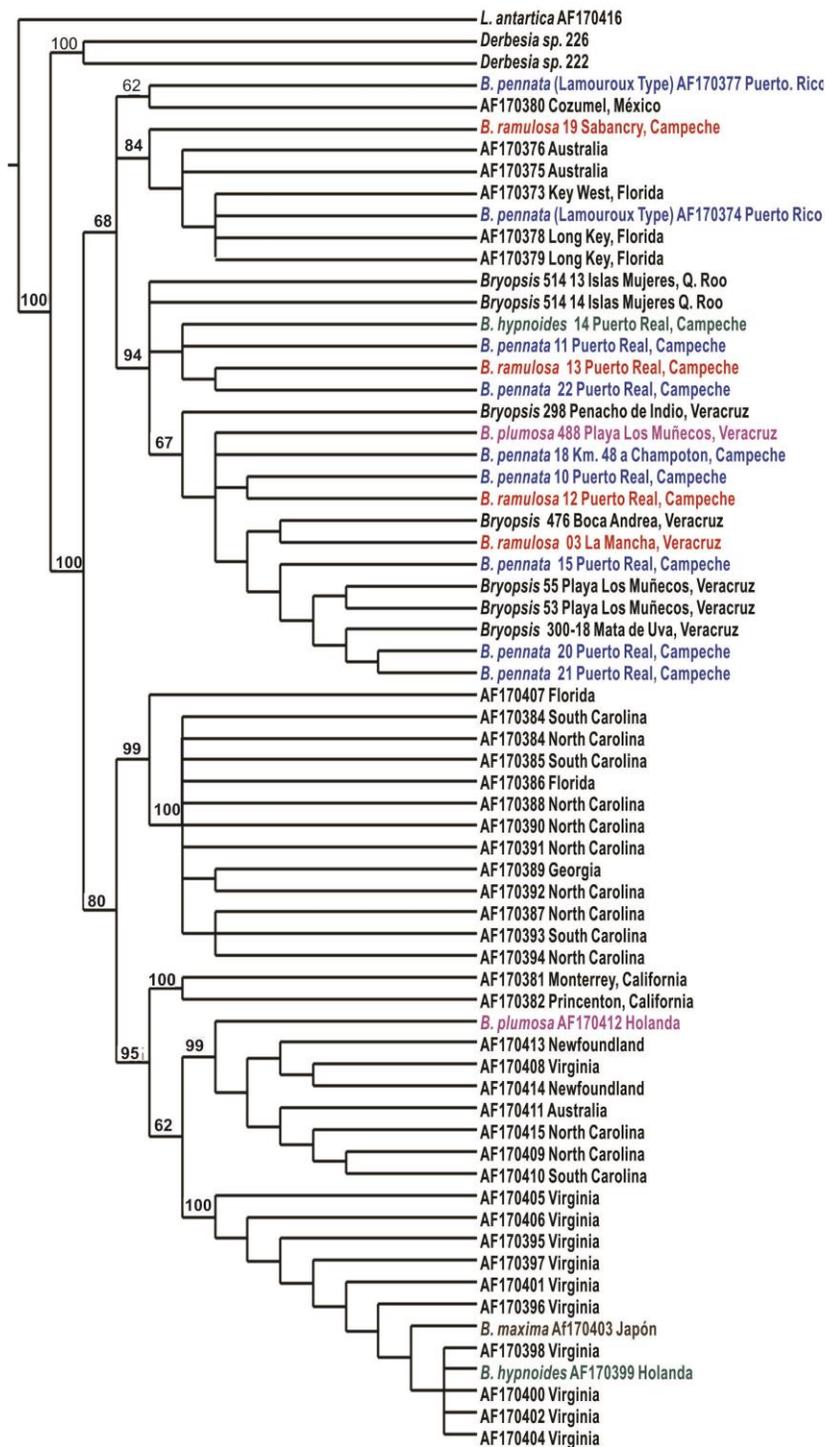
El análisis filogenético del marcador molecular *psbB* resolvió los ejemplares mexicanos de *Bryopsis* spp. en un clado bien definido (con excepción del ejemplar 19 recolectado en Sabancuy, Campeche y de la secuencia AF170380 perteneciente a la localidad de Cozumel). Este clado a su vez está conformado por los subclados G y H, (Figura 4), así como por los ejemplares de *Bryopsis* 514-13 y 514-14 (grupo F).

La figura 5 muestra, además, la relación entre las secuencias de *psbB* con las morfoespecies que fueron asignadas a los ejemplares recolectados después de un análisis

de los caracteres morfológicos con el que se pudo asignar un “nombre” en función del morfotipo más parecido; el ejemplar de herbario *Bryopsis* 488(Cuadro 3), así como 5 secuencias de GenBank AF170377, AF170374, AF170412, AF170403 y AF170399 ya contaban con una determinación taxonómica o bien con un nombre correspondiente al “Tipo más parecido” (Cuadro 4).



**Figura 4.**Árbol consenso estricto (L = 808, IC = 0.61, IR = 0.88) de los 298 árboles más parsimoniosos basado en el marcador molecular *psbB*.



**Figura 5.** Morfoespecies asignadas a los terminales en el árbol consenso estricto (L = 808, IC = 0.61, IR = 0.88) de los 298 árboles más parsimoniosos basado en el marcador molecular *psbB*.

# DISCUSIÓN

## Análisis filogenético

El examen y análisis de diversos conceptos que se hizo en este trabajo permitió adoptar una postura tanto conceptual como metodológica, pero sobre todo permitió decidir críticamente que opciones usar en las distintas fases de la investigación taxonómica; por ejemplo la adopción de la sistemática filogenética y de los análisis cladísticos bajo el criterio de parsimonia, es quizá el aspecto más sobresaliente de la tesis. El alineamiento a ojo de las secuencias y la codificación de eventos de evolución molecular son herramientas que permitieron postular hipótesis de homología.

Ante las limitantes de los métodos de búsqueda tradicionales (exactos, exhaustivos y heurísticos), se optó por realizar el análisis de los datos bajo la estrategia de búsqueda de “parsimonia de matraca”, implementada en NONA (Goloboff, 1999) empleando la interface de WinClada (Nixon, 1999). Se trata de una búsqueda de “Nueva Tecnología” que permite, sobre todo, evadir el problema de estancarse en una isla durante la búsqueda del árbol más corto. Una isla se define como un grupo de árboles igualmente parsimoniosos conectados y separados de otros grupos de árboles igualmente parsimoniosos por árboles intermedios de mayor longitud (Maddison, 1991). A grandes rasgos, esta estrategia permite brincar “lateralmente” entre islas, en lugar de tener que regresar a la longitud promedio de un árbol inicial (por ejemplo un árbol de Wagner o un árbol seleccionado al azar); la búsqueda implementa diferentes árboles como puntos de partida con lo que eventualmente se encuentra un árbol óptimo global.

La calidad de la hipótesis filogenética de este trabajo fue abordada mediante el cálculo del estadístico de “Bootstrap”. La frecuencia de aparición de los clados se calculó

mediante el consenso estricto de cada replicación (100 replicas) y comparándola con (mapeada sobre) la frecuencia de aparición de estos mismos clados en el consenso estricto de los árboles más parsimoniosos de la matriz original. Los valores de bootstrap que se muestran sobre la figura 4 indican un soporte de 80 para el clado que incluye a los ejemplares septentrionales con respecto al Golfo de México (clados A, B, C y D) mientras que los ejemplares del Golfo de México (clados F, G y H) tienen un valor de soporte de 94. Aunque se trata de valores de confianza que se pueden considerar altos, no podemos interpretar que se trata de clados “reales” sino que sólo es una medida de qué tan fuerte se apoya o corrobora un grupo por la matriz de datos analizada.

Se ha intentado describir la “calidad de los datos” utilizados en este trabajo, mediante la estimación del IC e IR. Como ya se ha señalado en el Capítulo II, aseverar que el IC es un estimador de la señal filogenética, debe tomarse con algunas reservas. Lo primero que podemos decir es que se trata de un índice que considera indistintamente los datos informativos de los no informativos, hecho que se evitó al eliminar de la matriz de datos todos aquellos caracteres no informativos. Por otro lado, el IC global podría estar “inflado” por los valores particulares de cada carácter, ya que podemos llegar a tener un carácter con un IC = 0.33 y otro con un IC = 1, lo que nos daría como resultado un IC = 0.66. De hecho el IC obtenido para la topología del árbol en el análisis de este trabajo es de 0.61. No podemos considerar que tenemos un ajuste perfecto de los datos pero tampoco que existe homoplasia en todos ellos. Quizá este comportamiento es el reflejo de que el IC no es un índice muy informativo debido a que tiene un intervalo de valores muy corto. Sería interesante analizar los IC de los caracteres por separado.

Por otro lado, el Índice de Retención (IR) representa una alternativa ante los

inconvenientes que tiene el IC. El valor del IR que se obtuvo para la topología del análisis en este trabajo es de 0.88, lo cual es congruente con el hecho de que no es un valor que se “infle” por caracteres autapomórficos. Aquí, el factor a analizar son algunas de las politomías presentes en ejemplares de los clados B y C de la figura 4. Es probable que algunos de los taxa que conforman estas politomías sean idénticos, lo cual aumentaría el índice de retención.

### **Clados y topología**

En función de la topología obtenida en el análisis, podemos decir que no hay duda de que las especies del Golfo de México conforman un linaje independiente, marcado en la figura 4 como “Clado del Golfo de México (clados G y H)”. Como parte de este linaje también están incluidos los ejemplares de *Bryopsis* 514-13 y 514-14 que no lograron resolverse como un clado independiente pero que están incluidos dentro del linaje de los ejemplares mexicanos (Grupo F en la figura 4).

Siguiendo con la nomenclatura utilizada por Krellwitz *et al.* (2001), los clados A - E de la figura 4 se corresponden con los utilizados en su análisis. Estos clados (con excepción del clado E) son septentrionales en relación a los ejemplares del Golfo de México. En el trabajo de Krellwitz *et al.* (2001) el clado E (cuyos ejemplares pertenecen a localidades del Caribe) no encuentra solución en la topología de su cladograma (Krellwitz *et al.*, 2001). En el presente trabajo, los clados E y E' incluyen a los ejemplares del Caribe y aunque no están resueltos en la topología, es clara su relación directa con los del Golfo de México, perteneciendo a un mismo clado.

La aseveración de que los clados del Golfo de México conforman un linaje

independiente se ve apoyada cuando se analizan las distancias genéticas dentro de cada clado y entre los clados resueltos en la topología. Por un lado las distancias “**intraespecíficas**” (dentro de cada uno de los clados resueltos) tienen un intervalo de 0 a 0.04, como apuntábamos en los resultados. La mayor distancia se encuentra dentro del clado C con 0.040, seguida de los clados E y H con 0.034, E´ con 0.023 y los clados B, F y G con un valor de 0.006 en cada uno de ellos, mientras que la menor distancia se presenta en el clado D con un valor de 0 (Cuadro 7; Anexo 4). Por otra parte, entre los clados A y B, donde se encuentran algunos ejemplares nomenclaturalmente determinados (*B. plumosa* en el clado “A” así como *B. hypnoides* y *B. maxima* en el clado “B”), se tiene una distancia “**interespecífica**” de 0.049 (4.9%). Tomando como punto de partida la determinación de estos ejemplares, su resolución en la topología del árbol y la distancia genética, se considera que este valor es el umbral inferior para la discriminación de especies en este análisis.

El clado “D” (ejemplares del Pacífico) tiene una distancia genética de más de 6% con respecto a los clados “A” y “B”. De la misma forma el clado “C” tiene una distancia de más de 7.9% respecto a “A”, “B” y “D”. Todos estos clados están conformados por los ejemplares más septentrionales (Cuadro 6).

Las distancias genéticas respecto al grupo externo son de 21.4% – 27.1% con respecto al género *Lambia* y de 31.2% – 37.8% con respecto al género *Derbesia* (Anexo 4).

En el nivel más basal, los clados del Golfo de México y los clados Caribeños (clados E, E´, F, G y H) no tienen una solución en la topología del árbol; además, las distancias genéticas entre todos estos clados son menores al 4.9%. No obstante, la propuesta de este trabajo es que los clados E y E´ (cuyas distancias tienen un valor máximo de 0.032)

son una misma especie. Por otro lado, los clados "F", "G" y "H" (cuyas distancias genéticas tiene valores entre 0.004 a 0.011; Cuadro 6) conforman una segunda especie presente en el Golfo de México (Figura 5). Consideramos que al agregar más información a un nuevo análisis (un mayor muestreo de taxa caribeños, taxa provenientes de la parte norte del Golfo de México o bien información de marcadores moleculares independientes) habría la posibilidad de resolver aquellos clados no totalmente claros en la topología.

### **Taxonomía y Especies reconocidas**

Respecto a la cuestión taxonómica y la asignación de nombres, la propuesta de la tesis es que, a partir de los ejemplares determinados que se usaron en el análisis, de la topología del árbol y con el apoyo de las distancias genéticas calculadas, se puede asignar el nombre de *Bryopsis plumosa* (Loc. tipo: Inglaterra) al **clado A** que contiene el ejemplar holandés AF170412, determinado como *B. plumosa*. El **clado B** (que contiene a los ejemplares nombrados *B. hypnoides* AF170399 y *B. maxima* AF170403) representa una sola especie. *Bryopsis hypnoides* posee como localidad tipo al Mediterráneo y *B. maximala* tiene asignada a Japón, la primera posibilidad es que alguno de estos nombres sea un nombre mal aplicado del otro y la segunda es que ambos sean sinónimos. Para resolver esto habría que obtener secuencias de especímenes procedentes del Mediterráneo, ya que la secuencia AF170399 proviene de Holanda, como representantes del tipo de *B. hypnoides* y analizar nuevamente su posición en el árbol de estudio. Por otra parte, asumiendo que la secuencia AF170403 es de la "verdadera" *B. maxima*, pues Okamura no designó una localidad específica, es necesario explicar también su presencia en el Atlántico. Si ambas se colocan en el mismo clado y con las mismas divergencias el

nombre de *B. hypnoides* tiene prioridad sobre *B. maxima*, al establecerse la sinonimia.

Los ejemplares de *B. pennata* AF170377 y AF170374 (Loc. tipo: Puerto Rico) que se encuentran en los **clados E y E'** permiten asignar el nombre de ***B. pennata***. Debido a que para el Mar Caribe también se encuentra registrado el nombre de *B. ramulosa* (loc. tipo: Cuba), es necesario obtener secuencias de material proveniente de esa región geográfica para clarificar la naturaleza del clado y proponer la independencia de estas entidades o bien su sinonimia.

Por lo que respecta a los **clados F, G y H** quedarían bajo la circunscripción de una especie diferente a la anterior, que por el momento hemos decidido sea ***B. ramulosa***, en espera de secuencias provenientes de ejemplares de la localidad tipo. **La figura 6** muestra la conformación de las especies presentes en el Golfo de México, Mar Caribe y una parte de la costa Norte del Atlántico de los Estados Unidos, propuestas en la tesis.

Lo anterior permite proponer, por el momento, que para el Atlántico mexicano existen dos especies de *Bryopsis*: *B. pennata* y *B. ramulosa*. Los registros existentes bajo la denominación de *B. hypnoides* y *B. plumosa* son nombres mal aplicados para ellas.

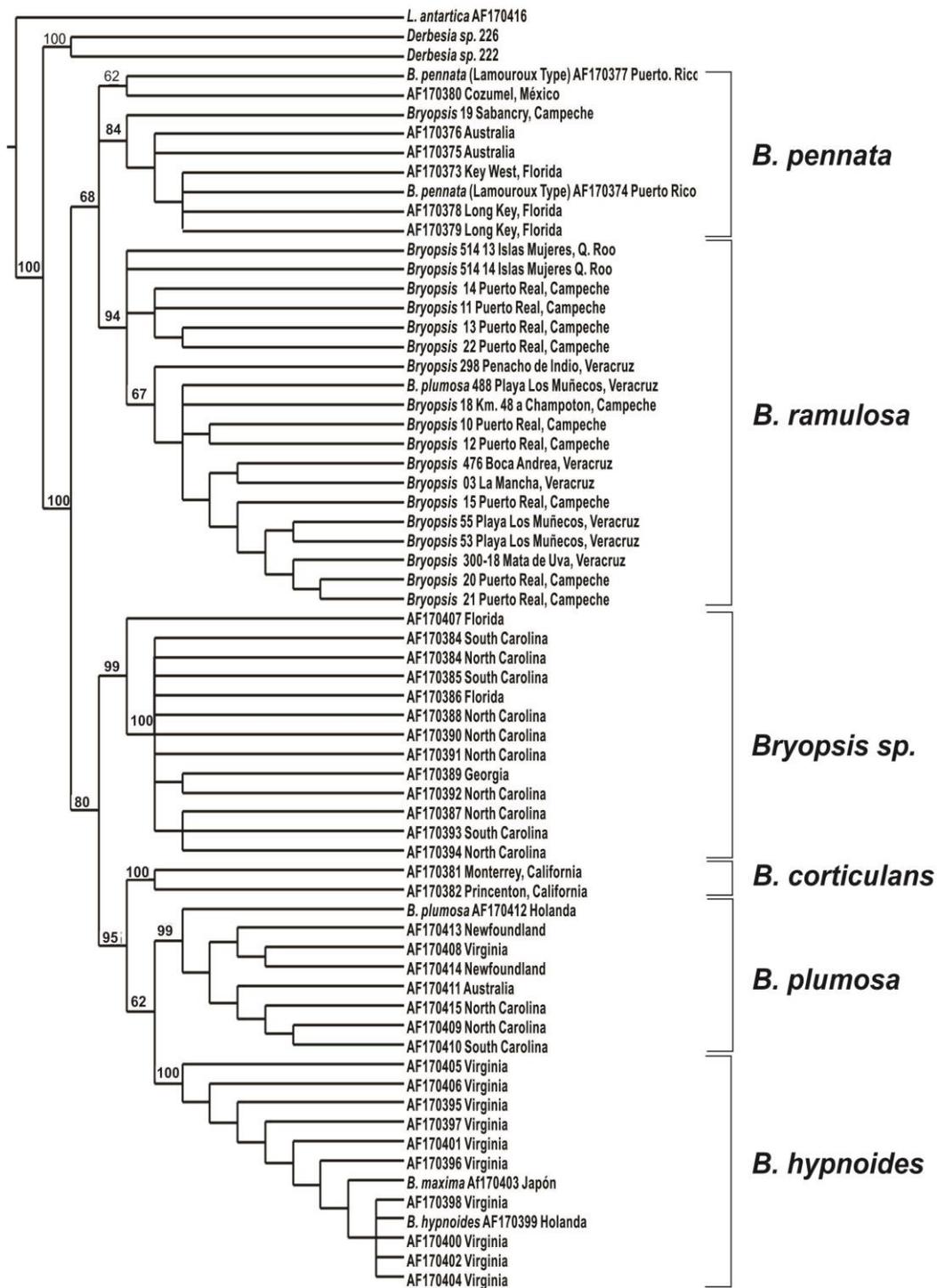


Figura 6. Propuesta de las especies reconocidas para el género *Bryopsis* en el Atlántico mexicano.

## Consideraciones finales

La explicación de la distribución de los taxa en los diferentes clados, o mejor dicho, de la distribución de los genotipos de estos taxa en los clados, podría deberse simplemente a que existe una muy limitada migración entre poblaciones geográficamente separadas (se definió que hay un clado principal que es “más” septentrional, los clados caribeños y los clados del Golfo de México). Una segunda hipótesis está más orientada a un enfoque ecológico (Krellwitz *et al.*, 2001) que propone una diferenciación ecológica responsable de la distribución de los genotipos, es decir, es probable que los clados resueltos estén correlacionados con algún parámetro ambiental. Esta misma diferenciación ecológica es responsable morfológicamente, por ejemplo, de la distribución de los ejemplares de *Bryopsis maxima* (Japón) y *B. hypnoides* (Holanda) dentro del clado B y cuyo genotipo es idéntico (distancia genética = 0). Krellwitz *et al.* (2001) explican que uno de los principales factores ambientales que pueden estar influenciando la distribución de los genotipos es la temperatura, señalando que es probable obtener información ecológica y de distribución geográfica, a partir de experimentos de tolerancia a la temperatura. En su trabajo se señala, por ejemplo, que el clado A fue recolectado en varias latitudes pero en temperaturas más templadas y el clado C, en temperaturas más cálidas. Otro factor importante a considerar es la densidad de las poblaciones de *Bryopsis*, que a su vez está relacionada con arribos o introducciones recientes de las poblaciones.

Como se estableció anteriormente, las distancias genéticas nos permitieron hipotetizar que existen dos clados definidos en cuanto al área geográfica de su distribución. Uno netamente caribeño y otro para el Golfo de México. Sin embargo, la presencia de un ejemplar de Sabancuy, Campeche en el clado caribeño, podría manifestar que el sur del

Golfo de México representa una zona de transición entre el Golfo de México, propiamente dicho, y el Mar Caribe o bien como algunos autores han postulado, una región biogeográficamente aislada (Britton y Morton, 1989, Callejas-Jiménez *et al.*, 2005). Resolver esto requiere de un muestreo más intenso para generar secuencias de DNA que ayuden a clarificar la identidad taxonómica de los ejemplares de esa zona. Además, es muy probable que los ejemplares australianos (AF170376 y AF170375) representen una invasión debida a algún factor antropogénico.

Por otra parte, también contamos con una incógnita respecto a ejemplares de *Bryopsis* en el Atlántico norte mexicano. En las localidades del norte del Golfo de México no se encontró material biológico, por lo que aún se tiene un “gap” en la continuidad de esta información. Será interesante que, además de un mayor esfuerzo de muestreo, también se incorpore la información de parámetros ecológicos que pongan a prueba la hipótesis taxonómica de este trabajo.

Finalmente, un aspecto sobresaliente de la presente investigación es la confirmación de que existe una incongruencia entre la información morfológica y los datos moleculares (Figura 5). Cuando se asignaron los “morfotipos” o “morfoespecies” a los ejemplares de *Bryopsis* en el cladograma resuelto, no se obtuvo ningún patrón evidente entre los clados y las morfoespecies definidas. Aunque el análisis de los caracteres morfológicos no fue objeto del presente estudio, estudios previos en este o en géneros cercanos, sugieren que su exploración no proporciona suficiente información filogenética (Krellwitz *et al.*, 2001; Tufiño *et al.* 2006; Tufiño y Pedroche, 2014). Recuérdese que hay relativamente pocos caracteres morfológicos y/o anatómicos en el grupo, que existen pocos estados de carácter y que éstos están influenciados por factores ambientales como la salinidad y la

temperatura. No obstante que también podemos sumar al enfoque morfológico los problemas de definición y delimitación de estados de carácter, es poco probable que algunos de ellos se pudieran incluir en una matriz combinada con otro tipo de evidencia.

## CONCLUSIONES

En un análisis de parsimonia de matraca, el marcador molecular *psbB* proporcionó información suficiente para resolver, en un clado principal, los ejemplares mexicanos de *Bryopsis*, recolectados en este trabajo; este clado se subdivide en los clados G y H; además también pertenecen a este linaje los ejemplares del grupo F (Figura 4). En función de la información que proporcionan los datos de divergencia genética, la topología del árbol obtenido y de algunas consideraciones geográficas y taxonómicas, la principal conclusión de este trabajo, es que para el Atlántico de México no están presentes las especies *B. hypnoides* y *B. plumosa*. Un valor de divergencia genética de 0.049 para el marcador *psbB*, permite la distinción entre especies del género *Bryopsis*.

A nivel global, el clado A queda identificado como *B. plumosa* (Loc. Tipo: Inglaterra) y el clado B como *B. hypnoides*. La divergencia genética permite reconocer al clado C como una especie claramente distinta; sin embargo, es necesario material asignado a algún morfotipo en concreto como punto de referencia, pues a la fecha no existe especie alguna descrita para esa región (Wynne, 2005); los ejemplares de este clado se encuentran en una zona perteneciente al norte y sur de Carolina, así como Florida, una zona con cierta afinidad con el Caribe. Para los clados considerados típicos del Golfo de México (F, G y H) se reconocen como pertenecientes a *B. ramulosa* o bien como una especie nueva que habría que tipificar. Los clados caribeños (clados E y E') se identifican como *B. pennata*. Se propone que el conflicto que representan el ejemplar recolectado en Sabancuy, Campeche y la secuencia de Cozumel, se debe a la zona de transición entre el sur del Golfo de México y el Mar Caribe, en donde podrían cohabitar ambas especies.

La diferenciación ecológica y la plasticidad fenotípica dentro del grupo podrían ser

responsables de la distribución de fenotipos (cuyo genotipo es idéntico) distintos dentro de un mismo clado (i. e. *B. maxima* y *B. hypnoides* dentro del clado B). Un mayor esfuerzo de muestreo ayudará a definir el comportamiento de la distribución de estos taxa en la zona de estudio. De la misma forma existe un “gap” en la información de este taxón en localidades del norte del Golfo de México, donde no fue encontrado material biológico, por lo que también se necesita la generación de más secuencias para continuar esclareciendo o fortaleciendo la identidad taxonómica de los clados que aquí se resuelven. Sin duda, la generación de más información en estos dos casos (el conflicto de los ejemplares del sur y la falta de información de localidades del norte del Golfo de México), pondrá a prueba, en estudios futuros, la hipótesis de relaciones filogenéticas que ha proporcionado el marcador molecular *psbB*. Dicha “falseabilidad” de la hipótesis, no sólo puede ponerse a prueba con la adición de más información, sino que también se puede contrastar con hipótesis generadas con datos independientes, es decir, otro tipo de evidencia podrá refutar o corroborar la hipótesis de relaciones de este trabajo.

Aunque también queda abierta la posibilidad de utilizar datos morfológicos (cuantitativos y/o cualitativos) en los análisis filogenéticos de *Bryopsis*, la principal conclusión es que la morfología en sí misma, es insuficiente para esclarecer las relaciones dentro del grupo. La no correspondencia entre las “morfoespecies” asignadas en los clados que resolvió el análisis es una evidencia que apoya esta aseveración.

## LITERATURA CITADA

- Almeida, M. T. & F. A. Bisby. 1984. A simple method for establishing taxonomic characters from measurement data. *Taxon* 33: 405-409.
- Archie, J. W. 1989a. Homoplasy excess ratio: new indices for measuring levels of homoplasy in phylogenetic systematics and a critique of the consistency index. *Sysematict Zoology*. 38 (3): 253-269.
- Archie, J. W. 1989b. A randomization test for phylogenetic information in systematic data. *Systematic Zoology*. 38 (3): 239-252.
- Britton, J. C. y B. Morton. 1989. *Shore ecology of the Gulf of Mexico*. University of Texas Press. Austin. 387 pp.
- Bold, H. C. & M. J. Wynne. 1985. Introduction to the algae: structure and reproduction. 2<sup>nd</sup> edition. Prentice-Hall, Englewood, New Jersey. 216-233 pp.
- Borsch, T.; K. W. Hilu; D. Quandt; V. Wilde; C. Neinhuis & W. Barthlott. 2003. Non-coding plastid trnT-trnF sequences reveal a well resolved phylogeny of basal angiosperms. *Journal of Evolutionary Biology*. 16:558–576.
- Brower, A. V. Z. & V. Schawaroch. 1996. Three steps of homology assessment. *Cladistics* 12: 265-272.
- Brück, B. & R. Schnetter. 1997. Life history and karyology of *Bryopsis plumosa* (Chlorophyta, Bryopsidales) from the Canary Islands. *Phycologia* 36 (2): 128-137.
- Callejas-Jiménez M. E., A. Senties G. y Kurt M. Dreckmann, 2005. Macroalgas de Puerto Real, Faro Santa Rosalía y Playa Preciosa, Campeche, México, con algunas consideraciones florísticas y ecológicas para el estado. *Hidrobiológica*, 15 (1): 89-96.
- Cocquyt, E., Verbruggen, H., Leliaert, F. & De Clerck, O. 2010. Evolution and cytological diversification of the green seaweeds (Ulvophyceae). *Molecular Biology and Evolution*. 27: 2052-2061.
- Chowdary, Y. D. K., Singh, S. & Jose, G. 1982. On the cytology of *Bryopsis* Lamouroux from Indian Coast. *Phykos*. 21: 32-39.
- Cracraft, J. 2002. The seven great questions of systematic biology: an essential foundation for conservation and the sustainable use of biodiversity. *Annals of the Missouri Botanical Garden*. 89 (2): 127-144.
- De Luna, E. 1995. Bases filosóficas de los análisis cladísticos para la investigación taxonómica. *Acta Botánica Mexicana*. 33: 63-79.
- De Luna, E, 1996. Epistemología de la investigación taxonómica: Inferencias filogenéticas y su evaluación. *Boetin de la Sociedad Botánica de México* 58: 43-53.
- De Luna E., J. A. Guerrero & T. Chew-Taracena. 2005. Sistemática biológica: avances y direcciones futuras en la teoría y los métodos de la reconstrucción filogenética. *Hidrobiológica*. 15 (3): 351-370.
- De Luna, E. & B. D. Mishler. 1996. El concepto de homología filogenética y la selección de caracteres taxonómicos. *Boetin de la Sociedad Botánica de México* 59: 131-146.

- de Pinna, M. C. C. 1991. Concepts and tests of homology in the cladistic paradigm. *Cladistics*. 7: 367-394.
- Donoghue, M. J. & R. H. Ree. 2000. Homoplasy and developmental constraint: A model and an example from plants. *American Zoologist*, 40: 759-769.
- Doyle, J. F. & J. L. Doyle, 1987. A rapid isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19: 11-15.
- Farris, J. S. 1989. The retention index and rescaled consistency index. *Cladistics*. 5: 417-419.
- Felsenstein, J. 1983. Parsimony in Systematics: Biological and statistical issues. *Annual Review of Ecology and Systematics*. 14: 313-333.
- Felsenstein, J. 1988. Phylogenies and quantitative characters. *Annual Review of Ecology and Systematics* 19: 445-471.
- Friedl, T. & N. Rybalka. 2012. Systematics of the green algae: a brief introduction to the current status. U. Luttge *et al.* (eds), *Progress in Botany* 73: 259-280.
- García-Cruz, J. & V. Sosa. 2006. Coding quantitative character data for phylogenetic analysis: a comparison of five methods. *Systematic Botany*. 31 (2): 302-309.
- Givnish, T. J. & K. J. Sytsma. 1997. Consistency, characters and the likelihood of correct phylogenetic inference. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 7 (3): 320-330.
- Goloboff, P. 1999. NONA (NO NAME) ver. 2. Published by the author, Tucumán, Argentina.
- Goloboff, P. A., C. A. Mattoni & A. S. Quinteros. 2006. Continuous characters analyzed as such. *Cladistics* 22: 589-601.
- Guerrero, J. A., E. De Luna & C. Sanchez-Hernández. 2003. Morphometrics in the quantification of character state identity for the assessment of primary homology: an analysis of character variation of the genus *Artibeus* (Chiroptera: Phyllostomidae). *Biological Journal of the Linnean Society* 80: 45-55.
- Hennig, W. 1968. *Elementos de una Sistemática Filogenética*. EUDEBA. Argentina. 353 pp.
- Hillis-Colinvaux, L. 1984. Systematics of the Siphonales. In: *Systematics of the green algae*. D. E. G. Irvine & D. M. John (Eds.). Academic Press, London & Orlando. Pp. 271-296.
- Hillis, D. M. 1987. Molecular versus morphological approaches to systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*. 18: 23-42.
- Hoek, V. C., D. G. Mann & H. M. Jahns. 1995. *Algae: an introduction to phycology*. Cambridge University Press. Cambridge. Pp. 419-428.
- Källersjö, M., V. A. Albert & J. S. Farris. 1999. Homoplasy increases phylogenetic structure. *Cladistics* 15: 91-93.
- Kapraun, D. F. 2005. Nuclear DNA content estimates in multicellular green, red, and brown algae: Phylogenetic considerations. *Annals of Botany* 95: 7-44.

- Kapraun D. F. & M. J. Shipley. 1990. Karyology and nuclear DNA quantification in *Bryopsis* (Chlorophyta) from North Carolina. USA. *Phycologia*. 29: 443-453.
- Kermarrec, A. 1980. Sur place de la méiose dans le cycle de deux chlorophycées marines: *Bryopsis plumosa* (Huds.) C. Ag. and *Bryopsis hypnoides* Lamouroux (Codiales). *Cahiers de Biologie Marine*. 21: 443-446.
- Kluge A. G. & J. S. Farris. 1969. Quantitative phyletics and the evolution of anurans. *Systematic Zoology*. 18: 1-32.
- Krellwitz, E. C.; K. V. Kowallik & P. S. Manos. 2001. Molecular and morphological analyses of *Bryopsis* (Bryopsidales, Chlorophyta) from the western North Atlantic and Caribbean. *Phycologia*. 40: 330-339.
- Kuhn, T. 1995. La estructura de las revoluciones científicas. Brevarios del Fondo de Cultura Económica. México. 319 pp.
- Lamouroux, J.V.F. 1809. Observations sur la physiologie des algues marines, et description de cinq nouveaux genres de cette famille. *Nouveau Bulletin des Sciences*, par la Société Philomathique de Paris 1: 330-333.
- Leliaert, F., Smith, D. R., Moreau, H., Herron, M. D., Verbruggen, H., Delwiche, Ch. F., & De Clerck, O. 2012. Phylogeny and Molecular Evolution of the Green Algae. *Critical Reviews in PLantScience*. 31: 1-46.
- Lewis, L. A. & McCourt, R. M. 2004. Green algae and the origin of land plants. *American Journal of Botany* 91(10):1535–1556.
- Maddison, D. R. 1991. The discovery and importance of multiple islands of most parsimonious trees. *Systematic Zoology*. 40:315-328.
- Mayr, E. 1942. *Systematics and the origin of species, from the viewpoint of a zoologist*. Harvard University Press. Cambridge. 338 pp.
- Mayr, E. 2000. *Así es la biología*. Ed. Debate S. A. México. 326 pp.
- Mayr, E. & P. D. Ashlock. 1991. *Principles of systematic zoology*. 2<sup>nd</sup> Edition. McGraw-Hill. Singapore. 475 pp.
- Medlin, L. K.; K. Metfies; U. John & J. L. Olsen. 2007. Algal molecular systematics: a review of the past and prospects for the future. *In: Unravelling the algae, the past, present, and future of algal systematics*. Brodie, J. & J. Lewis (Eds.). The systematics association special volume series 75. CRC Press. USA. Pp. 341-353.
- Mickevich, M. F. & M. S. Johnson. 1976. Congruence between morphological and allozyme data in evolutionary inference and character evolution. *Systematic Zoology*. 25: 260-270.
- Mishler, B. D. 2000. Deep phylogenetic relationships among “plants” and their implications for classification. *Taxon*. 49: 661-683.
- Mishler, B. D., K. Bremer, C. Humphries & S. Churchill. 1988. The use of nucleic acid sequence data in phylogenetic reconstruction. *Taxon* 37: 391-395.
- Mishler, B. D. & E. De Luna, 1997. Sistemática filogenética y el concepto de especie. *Boletín de la Sociedad Botánica de México*. 60: 45-57.

- Müller, T., Philippi, N., Dandekar, T., Schultz, J. & Wolf, M. 2007. Distinguishing species. *RNA* 13:1469–1472.
- Müller, K., Quandt, D., Müller, J. & Neinhuis, C. 2010. PhyDE®: Phylogenetic Data Editor, version 0.997. <http://www.phyde.de>
- Nelson, G. J. & N. Platnick. 1981. *Systematic and biogeography: cladistics and vicariance*. Columbia University Press. New York.
- Neumann, K. 1969. Protonemata mit Riesenkern bei der siphonalen Grünalge *Bryopsis hypnoides* und weitere cytologische Befunde. *Helgoländer Meeresuntersuchungen* 19: 45-47.
- Nixon, K. C. 1999-2002. WinClada ver. 1.0000 Published by the author, Ithaca, NY, USA.
- Nixon, K. C. y H. Ochoterena. 2001. Taxonomía tradicional, cladística y construcción de hipótesis filogenéticas. In: Hernández, H. M., A. N. García Aldrete, F. Álvarez y M. Ulloa (comps.). 2001. *Enfoques contemporáneos para el estudio de la biodiversidad*. Instituto de Biología, UNAM-Fondo de Cultura Económica. México, pp. 15-37.
- Ochoterena, H. 2009. Homology in coding and non-coding DNA sequences: a parsimony Perspective. *Plant Systematics and Evolution*. 282:151–168.
- Ortega, M. M.; J. L. Godínez & G. Garduño. 2001. Catálogo de algas bénticas de las costas mexicanas del Golfo de México y Mar Caribe. *Instituto de Biología UNAM Cuadernos* 34. 594 pp.
- Palmer, J. D., 1986. Isolation and structural analysis of chloroplast DNA evolution and the origin of amphidiploid Brassica species. *Methods in Enzymology* 118: 167-186.
- Paterson, C. 1982. Morphological characters and homology. In: *Problems of phylogenetic reconstruction*. K. A. Joysey & A. E. Friday (Eds.) Academic Press London. p. 21-74.
- Pedroche, F. F. 1998. *El género Codium (Chlorophyta) en el Pacífico Mexicano*. Tesis de Doctorado. Facultad de Ciencias. UNAM. 129 pp.
- Pedroche, F. F. 2001. Estudios filogenéticos del género *Codium* (Chlorophyta) en el Pacífico mexicano. Uso de ADNr mitocondrial. *Anales de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas*, IPN. 47: 109-123.
- Pedroche, F. F., P. C. Silva; L. E. Aguilar-Rosas; K. M. Dreckmann & R. Aguilar-Rosas. 2005. *Catálogo de las algas marinas bentónicas del Pacífico de México. I. Chlorophycota*. UABC. Pp. 56-60.
- Pimentel, R. A. & R. Riggins. 1987. The nature of cladistic data. *Cladistics* 3: 201-209.
- Popper, K. 1959. *The logic of scientific discovery*. Harper & Row. New York. 479 pp.
- Pröschold, T. & F. Leliaert. 2007. Systematics of the green algae: conflict of classic and modern approaches. In: *Unravelling the algae, the past, present, and future of algal systematics*. Brodie, J. & J. Lewis (Eds.). The systematics association special volume series 75. CRC Press. USA. Pp. 123-153.
- Rietema, H. 1975. *Comparative investigations on the life histories and reproduction of some species in the siphonaceous green algal genera Bryopsis and Derbesia*. Published

- Ph. D. Thesis. University of Groningen, Netherlands, 130 pp.
- Sanderson M. J. & M. J. Donoghue. 1989. Patterns of variation in levels of homoplasy. *Evolution* 43 (8): 1781-1795.
- Sarkar, I. N., 2006. Phylogenetics in the modern era. *Journal of Biomedical Informatics* 39 (1): 3-5.
- Shevlin, D. E. 1982. A preliminary view of the species concepts within the genus *Bryopsis* (Chlorophyta) in North America. *First International Phycological Congress*, St. John's, Newfoundland. Abstract.
- Silva, P. C. 1979. The benthic algal flora of central San Francisco Bay. In: *San Francisco Bay. The urbanized estuary*. T. J. Conomos (Ed.). Pacific Division AAAS. Pp 287-345.
- Simpson, G. G. 1944. *Tempo and mode in evolution*. Columbia University Press, New York.
- Simpson, B. B. & J. Cracraft. 1995. Systematics: The science of biodiversity. *BioScience* 45: 670-672.
- Sokal, R. R. & P. H. A. Sneath. 1963. *Principles of Numerical Taxonomy*. W. H. Freeman and Company. San Francisco. 359 pp.
- Sosa, V. & E. De Luna. 1998. Morphometric and character state recognition for cladistic analyses in the *Bletiareflexa* complex (Orchidaceae). *Plant Systematics and Evolution* 212: 185-213.
- Stevens, P. F. 1991. Character states, morphological variation, and phylogenetic analysis: a review. *Systematic Botany* 16: 553-583.
- Swiderski, D. L., M. L. Zelditch & W. L. Fink. 1998. Why morphometrics is not special: coding quantitative data for phylogenetic analysis. *Systematic Biology*. 47: 508-519.
- Tamura, K. 1992. Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G + C-content bases. *Molecular Biology and Evolution* 9:678-687.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. & Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729.
- Thiele, K. 1993. The holy grail of the perfect character: the cladistic treatment of morphometric data. *Cladistics* 9: 275-304.
- Tufiño, V. R. y F.F. Pedroche. 2014. Caracteres continuos, ¿una posibilidad en la taxonomía del género *Byropsis* (Chlorophyta)? X Congreso de Ficología de Latinoamérica y el Caribe y VIII Reunión Iberoamericana de Ficología. Metepec, Estado de México. SOFILAC. Pp. 77.
- Tufiño, V. R., J. Diaz Larrea y F.F. Pedroche. 2008. Exploratory analysis of the quantitative characters usefulness in phylogenetic analysis: an example in the genus *Codium* (Chlorophyta) in Veracruz, México. *Cladistics*. 24: 105.
- Turmel, M., Pombert, J. F., Charbelobis, P., Otis, C. & Lemieux, C. 2007. The green algal ancestry of land plants as revealed by the chloroplast genome. *International Journal of*

*Plant Sciences*. 168: 679-689.

Van den Hoek, C., D. G. Mann & H. M. Jahns. 1995. *Algae: an introduction to phycology*. Cambridge University Press. Cambridge. Pp. 419-428.

Vroom, P. S., C. M. Smith & S. C. Keeley. 1998. Cladistics of the Bryopsidales: a preliminary analysis. *Journal of Phycology*. 34: 351-360.

Wheeler, W., C. P. Arango, T. Grant, D. Janies, A. Varón, L. Aagesen, J. Faivovich, C. D'Haese, W. L. Smith & G. Giribet. 2006. *Dynamic homology and phylogenetic systematics: a unified approach using POY*. New York: American Museum of Natural History USA. 365 pp.

Wiens, J. J. 2001. Character analysis in morphological phylogenetics: problems and solutions. *Systematic Biology*. 50: 689-699.

Wiley, E. O. 1981. *Phylogenetics: the theory and practice of phylogenetic systematics*. New York. 439 pp.

Wiley, E. O., Brook, D. R., D. Siegel-Causey & V. A. Funk. 1991. *The Compleat Cladist. A primer of phylogenetic procedures*. Museum of Natural History. The University of Kansas. Lawrence, Kansas. USA. 158 pp.

Woolcott, G. W., K. Knöllner & R. J. King. 2000. Phylogeny of the Bryopsidaceae (Bryopsidales, Chlorophyta): cladistic analyses of morphological and molecular data. *Phycologia* 39: 471-481.

Wynne, M. J. 2005. Two new species of *Bryopsis* (Ulvophyceae, Chlorophyta) from the Sultanate of Oman, with a census of currently recognized species in the genus. *Contributions from the University of Michigan Herbarium* 24: 229-256.

Wynne, M.J. 2011. A checklist of benthic marine algae of the tropical and subtropical western Atlantic: third revision. *Nova Hedwigia Beihefte* 140 (1): 7-166.

Wyss, A. R., M. J. Novacek & M.C. McKenna. 1987. Amino acid sequence versus morphological data and the interordinal relationships of mammals. *Molecular Biology and Evolution*. 4: 99-116.

Zelditch, M. L., W. L. Fink & D. L. Swiderski. 1995. Morphometrics, homology and phylogenetics: quantified characters as synapomorphies. *Systematic Biology* 44: 179-189.

Zinnecker, E. 1935. Reduktionsteilung Kernphasenwechsel und geschlechtsbestimmung bei *Bryopsis plumosa* (Huds.) Ag. *Österreichische Botanische Zeitschrift*. 84: 53-72.

**ANEXO 1.** Codificación de los eventos potenciales de evolución molecular o “motifs”. La lista muestra los 55 eventos potenciales de evolución, el nombre del evento, la posición respectiva en la matriz y la codificación utilizada.

---

0. Microsatélite AAAAAA 232-237: Cero A = 0; A = 1; AA = 2; AAA = 3; AAAA = 4; AAAAA = 5; AAAAAA = 6.
1. Microsatélite TATATA 238-249: Cero TA = 0; TA = 1; TATA = 2; TATATA = 3; TATATATA = 4; TATATATATA = 5; TATATATATATA = 6.
2. Gap anidado 251-253: Ausente = 0; Presente = 1.
3. Gap anidado 653: Ausente = 0; Presente = 1.
4. Gap 254: Ausente = 0; Presente = 1.
5. Gap anidado 262-263: Ausente = 0; Presente = 1.
6. Gap anidado 262: Ausente = 0; Presente = 1.
7. Gap anidado 263: Ausente = 0; Presente = 1.
8. Gap anidado 285-288: Ausente = 0; Presente = 1.
9. Gap anidado 288: Ausente = 0; Presente = 1.
10. Gap anidado 289-291: Ausente = 0; Presente = 1.
11. Gap anidado 290: Ausente = 0; Presente = 1.
12. Gap anidado 291: Ausente = 0; Presente = 1.
13. Gap anidado 293-296: Ausente = 0; Presente = 1.
14. Gap anidado 294-295: Ausente = 0; Presente = 1.
15. Gap anidado 294-296: Ausente = 0; Presente = 1.
16. Gap anidado 295: Ausente = 0; Presente = 1.
17. Microsatélite AAAAAAAA 298-305: A = 1; AA = 2; AAA = 3; AAAA = 4; AAAAA = 5; AAAAAA = 6; AAAAAA = 7; AAAAAA = 8.
18. Gap anidado 359-370: Ausente = 0; Presente = 1.
19. Gap anidado 361-370: Ausente = 0; Presente = 1.
20. Gap anidado 365-368: Ausente = 0; Presente = 1.
21. Gap 377-383: Ausente = 0; Presente = 1.
22. Gap anidado 384-390: Ausente = 0; Presente = 1.
23. Gap anidado 384-389: Ausente = 0; Presente = 1.
24. Gap anidado 385-390: Ausente = 0; Presente = 1.
25. Gap anidado 390: Ausente = 0; Presente = 1.
26. Gap anidado 409-411: Ausente = 0; Presente = 1.
27. Gap anidado 411: Ausente = 0; Presente = 1.
28. Gap 415-416: Ausente = 0; Presente = 1.
29. Gap anidado 423-435: Ausente = 0; Presente = 1.
30. Gap anidado 431-435: Ausente = 0; Presente = 1.
31. Gap anidado 432-435: Ausente = 0; Presente = 1.
32. Gap anidado 425-426: Ausente = 0; Presente = 1.
33. Gap 441: Ausente = 0; Presente = 1.
34. Gap 446: Ausente = 0; Presente = 1.
35. Gap anidado 469-470: Ausente = 0; Presente = 1.
36. Gap anidado 470: Ausente = 0; Presente = 1.
37. Gap 471: Ausente = 0; Presente = 1.
38. Gap 479: Ausente = 0; Presente = 1.
39. Gap 481: Ausente = 0; Presente = 1.
40. Gap anidado 498-499: Ausente = 0; Presente = 1.
41. Gap anidado 498: Ausente = 0; Presente = 1.
42. Gap anidado 499: Ausente = 0; Presente = 1.
43. Gap anidado 573-576: Ausente = 0; Presente = 1.
44. Gap anidado 574: Ausente = 0; Presente = 1.
45. Microsatélite AAAAAAAA 580-589: AAAAA = 0; AAAAA = 1; AAAAA = 2; AAAAA = 3; AAAAA = 4; AAAAA = 5.
46. Gap 593: Ausente = 0; Presente = 1.
47. Gap 605: Ausente = 0; Presente = 1.
48. Gap anidado 612-613: Ausente = 0; Presente = 1.
49. Gap anidado 613: Ausente = 0; Presente = 1.
50. Gap 618: Ausente = 0; Presente = 1.
51. Gap 619: Ausente = 0; Presente = 1.
52. Gap 638: Ausente = 0; Presente = 1.
53. Gap anidado 643-644: Ausente = 0; Presente = 1.
54. Gap anidado 644: Ausente = 0; Presente = 1.

**ANEXO 2.** Alineamiento final (700 pb) de las secuencias de la región *psbB* para un total de 66 taxa.

	0	5	10	15	20	25	30	35	40	45	50
<i>L. antarctica</i> AF170416	-----										
<i>Derbesia</i> sp. 226	-----										
<i>Derbesia</i> sp .222	-----										
<i>B. pennata</i> AF170377	-----										
AF170376	-----										
AF170373	-----										
<i>B. pennata</i> AF170374	-----										
AF170378	-----										
AF170379	-----										
AF170375	-----										
AF170395	-----										
AF170380	-----										
AF170396	-----										
AF170397	-----										
AF170398	-----										
<i>B. hypnoides</i> AF170399	-----										
AF170400	-----										
AF170401	-----										
AF170402	-----										
<i>B. maxima</i> AF170403	-----										
AF170404	-----										
AF170405	-----										
AF170406	-----										
AF170381	-----										
AF170382	-----										
AF170408	-----										
AF170409	-----										
AF170410	-----										
AF170411	-----										
<i>B. plumosa</i> AF170412	-----										
AF170413	-----										
AF170414	-----										
AF170415	-----										
AF170383	-----										
AF170384	-----										
AF170385	-----										
AF170386	-----										
AF170387	-----										
AF170388	-----										
AF170389	-----										
AF170390	-----										
AF170391	-----										
AF170392	-----										
AF170393	-----										
AF170394	-----										
AF170407	-----										
<i>Bryopsis</i> 13	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 14	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>B. plumosa</i> 488	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 10	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 11	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 22	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 12	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 18	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 19	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 298	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 476	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 514 13	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 514 14	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 03	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 15	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 300 18	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 20	---	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 21	--	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 55	--	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 53	at	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t

ANEXO 2. Continuación . . .

	51	56	61	66	71	76	81	86	91	96	101	
<i>L. antarctica</i> AF170416												
<i>Derbesia</i> sp. 226	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	
<i>Derbesia</i> sp. 222	tatattaat	taaaat	ttaatt	caata--	ga--	caatatt	caatt	aaaaatt	ttataaag	tccatt	aacctgaggt	
<i>B. pennata</i> AF170377	----	aaaaatt	ggat	tttt	tatt	taata	aaaaaa	act	ttta	atag	ttaataa	aa
AF170376	---	aaaaatt	ggat	ttt	-at	ga--	aaaaatt	ttt	aaaatt	taaaaa	aa	
AF170373	-----	aaatt	ggat	tttt	tatt	gaata	aaaaaa	tttt	taatt	taataa	-ta	
<i>B. pennata</i> AF170374	-----	aaatt	ggat	tttt	tatt	gaata	aaaaaa	tttt	taatt	taataa	-ta	
AF170378	-----	aaatt	ggat	tttt	tatt	gaata	aaaaaa	tttt	taatt	taataa	-ta	
AF170379	-----	aaatt	ggat	tttt	tatt	gaata	aaaaaa	tttt	taatt	taataa	-ta	
AF170375	---	aaaaatt	ggat	tttt	tatt	gaata	aaaaaa	tttt	taatt	taataa	-ta	
AF170395	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170380	-----	aaatt	ggat	t	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
AF170396	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170397	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170398	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
<i>B. hypnoides</i> AF170399	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170400	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170401	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170402	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
<i>B. maxima</i> AF170403	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170404	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170405	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170406	aaaaaa	at	ggat	cttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-at	att	taataa	-ta
AF170381	aaataa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-----	cttt	taataa	-ta
AF170382	aaataa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	tttt	-----	cat	taataa	-ta
AF170408	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tta	aatg	-----	ttt	gat	att	taata	-ta
AF170409	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tta	aatg	-----	ttt	gat	att	taata	-ta
AF170410	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tta	aatg	-----	ttt	gat	att	taata	-ta
AF170411	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tta	aatg	-----	ttt	gat	att	taata	-ta
<i>B. plumosa</i> AF170412	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tt	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
AF170413	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tta	aatg	-----	ttt	gat	att	taata	-ta
AF170414	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tta	aatg	-----	ttt	gat	att	taata	-ta
AF170415	aaaaaa	at	ggat	tttt	-tta	aatg	-----	ttt	gat	att	taata	-ta
AF170383	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170384	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170385	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170386	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170387	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170388	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170389	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170390	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170391	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170392	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170393	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
AF170394	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaaaa	-----	ttt	taataa	-tt	
AF170407	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaac	aaaaaa	-----	ttt	taataa	-ta	
<i>Bryopsis</i> 13	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 14	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>B. plumosa</i> 488	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 10	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 11	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 22	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 12	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 18	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaag	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 19	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	gaata	aaaaaa	tttt	taatt	taataa	-ta	
<i>Bryopsis</i> 298	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 476	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 514 13	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 514 14	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 03	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttta	atag	taataa	-ta
<i>Bryopsis</i> 15	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	-aga	agg	taaaaa	ta
<i>Bryopsis</i> 300 18	aaaaaa	at	ggg	tttt	tatt	aaag	ataaaaaa	-ct	ttta	aat	ag	taataa
<i>Bryopsis</i> 20	aaaaaa	at	ggg	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	-ct	ttta	aat	ag	ttataata
<i>Bryopsis</i> 21	aaaaaa	at	ggg	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	-ct	ttta	aat	ag	ttataata
<i>Bryopsis</i> 55	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttt	-aat	ag	ttataata
<i>Bryopsis</i> 53	aaaaaa	at	ggat	tttt	tatt	aaata	aaaaaa	act	ttt	-aat	ag	ttataata





ANEXO 2. Continuación . . .

	204	209	214	219	224	229	234	239	244	249	254
<i>L. antarctica</i> AF170416											
<i>Derbesia</i> sp. 226	aaaaa-tgataaataaaaaa-----atatatat---gtcttc										
<i>Derbesia</i> sp. 222	aaaaaatgataactaaaac-t-----ta-----agac-tc										
<i>B. pennata</i> AF170377	aaa---tgggttaaaaagga-tccaaaa-----t-----tagaa-tt										
AF170376	aa-----gggttaaaaaaa-ttcaaaaaaa-ta-----atataaatt										
AF170373	aaa---tgggataaaaaaa-tccaaaaaa--tatatatatatataaatt										
<i>B. pennata</i> AF170374	aaa---tgggataaaaaaa-tccaaaaaa-tatatatatataaatt										
AF170378	aaa---tgggataaaaaaa-tcaaaaaaa-tatatatatataaatt										
AF170379	aaa---tgggataaaaaaa-tcaaaaaaa-tatatatatataaatt										
AF170375	aaa---tgggataaaaaaa-tcaaaaaaaata-----taaatt										
AF170395	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170380	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
AF170396	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170397	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170398	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
<i>B. hypnoides</i> AF170399	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170400	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170401	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170402	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
<i>B. maxima</i> AF170403	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170404	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170405	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170406	aaa---tgggtaaaaaaa---tagcgaaaaa-----taaatt										
AF170381	aaa---tgggtaaaaaaa---tagctgaaaaaa-----ttaatt										
AF170382	aaa---tgggataaaaaaa---tagctgaaaaaa-----ttaatt										
AF170408	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----ttaatt										
AF170409	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----ttaatt										
AF170410	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----ttaatt										
AF170411	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----ttaatt										
<i>B. plumosa</i> AF170412	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----tgaatt										
AF170413	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----ttaatt										
AF170414	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----ttaatt										
AF170415	aaa---tgggtaaaaaaa---taactaaaaaa-----ttaatt										
AF170383	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170384	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170385	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170386	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170387	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taa-tt										
AF170388	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170389	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170390	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170391	aat---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170392	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taaatt										
AF170393	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taa-tt										
AF170394	aaa---tgggataaaaaaa---taaaaaaa-----taa-tt										
AF170407	aaa---tgggataaaaaaa---taataaaaaaa-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 13	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 14	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>B. plumosa</i> 488	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 10	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 11	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 22	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 12	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 18	aaa---gggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 19	aaa---tgggataaaaaaaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 298	aaa---gggtaaaaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 476	aaa---gggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 514 13	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 514 14	aaa---gggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----taaatt										
<i>Bryopsis</i> 03	aaa---gggataaaaaaaagaatcaaaaa-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 15	aaaa---ggattaaaaaa-gaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 300 18	aaa---gggtaaaaaaaaggatcaaaaa-----ta-----t---tt										
<i>Bryopsis</i> 20	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaat-----ta-----tgattt										
<i>Bryopsis</i> 21	aaa---tgggataaaaaagaatcaaaat-----t-----tga-tt										
<i>Bryopsis</i> 55	aaa---aggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										
<i>Bryopsis</i> 53	aaa---gggataaaaaagaatcaaaaa-----ta-----tgaatt										



ANEXO 2. Continuación . . .

	306	311	316	321	326	331	336	341	346	351	356
<i>L. antarctica</i> AF170416											
<i>Derbesia</i> sp. 226	-----cgactc-----										
<i>Derbesia</i> sp. 222	acagaatcgagagattaacta--atcgatacc---taaa-----										
<i>B. pennata</i> AF170377	aaatgatatccttcttataaa--ctcgaagagttcaaat-----										
AF170376	aagatatctaaatataatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
AF170373	gagatctaaatatca--tttaaaa-----tcgaaagagaaga----										
<i>B. pennata</i> AF170374	gagatct--tttc---tttaaaa-----tcgaaagagaaga----										
AF170378	gagatctaaatatca--tttaaaa-----tcgaaagagaaga----										
AF170379	gagatctaaatatca--tttaaaa-----tcgaaagagaaga----										
AF170375	gagatctaaatatca--tttaaaa-----tcgaaagagaaga----										
AF170395	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170380	aagatatctaaaaataatttaaaaa-----ttgaaagatcaaaa---										
AF170396	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170397	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170398	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
<i>B. hypnoides</i> AF170399	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170400	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170401	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170402	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
<i>B. maxima</i> AF170403	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170404	gatattctat-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170405	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170406	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170381	gatattctat-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170382	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170408	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170409	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170410	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170411	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
<i>B. plumosa</i> AF170412	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170413	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170414	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170415	gatattctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170383	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170384	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170385	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170386	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170387	gaa-tctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170388	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170389	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170390	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170391	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170392	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170393	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170394	gaaatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
AF170407	gagatctaa-----taaaaatatacaaaaagtcgaaa-----gaca										
<i>Bryopsis</i> 13	gatattctaaatatatttaaaa-----ttgaaagaaaaaaa----										
<i>Bryopsis</i> 14	gatattctaaatatatttaaaa-----ttgaaagaaaaaaa----										
<i>B. plumosa</i> 488	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 10	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 11	gatattctaaatatatttaaaa-----ttgaaagaaaaaaa----										
<i>Bryopsis</i> 22	gatattctaaatatatttaaaa-----ttgaaagaaaaaaa----										
<i>Bryopsis</i> 12	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 18	gaattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 19	ga--tctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 298	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 476	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 514 13	gatattctaaatatatttaaaa-----ttgaaagaaaaaaa----										
<i>Bryopsis</i> 514 14	gatattctaaatatatttaaaa-----ttgaaagaaaaaaa----										
<i>Bryopsis</i> 03	gatattctaaatatatttaaaa-----cgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 15	gat-tctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 300 18	gatattctaaata--ttaaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 20	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 21	ga-----tttaaaa-----ccgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 55	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										
<i>Bryopsis</i> 53	gatattctaaatatatttaaaa-----tcgaaagataaaaa---										

ANEXO 2. Continuación . . .

	357	362	367	372	377	382	387	392	397	402	407
<i>L. antarctica</i> AF170416											
<i>Derbesia</i> sp. 226	----	tttttt	cttgg	ataaga	----	ttttata	aaataa	taaaaa	taaaaa	caaac	gct
<i>Derbesia</i> sp. 222	-----	tttttt	gataat	ctaaa	atttt	agaaaa	-----	gct			
<i>B. pennata</i> AF170377	---	tttttt	----	agata	aagaaa	----	tttaaa	atcaa	ataaaaa	-----	gct
AF170376	---	tttttt	----	ggata	aagtaa	----	tttaaa	atcaa	ataaaaa	-----	gct
AF170373	---	tttttt	----	ggata	aataaa	----	tttaaa	atcga	ataaaaa	-----	gct
<i>B. pennata</i> AF170374	---	tttttt	----	ggata	aataaa	----	tttaaa	atcga	ataaaaa	-----	gct
AF170378	---	tttttt	----	ggata	aataaa	----	tttaaa	atcga	ataaaaa	-----	gct
AF170379	---	tttttt	----	ggata	aataaa	----	tttaaa	atcga	ataaaaa	-----	gct
AF170375	---	tttttt	----	ggata	aataaa	----	tttaaa	atcga	ataaaaa	-----	gct
AF170395	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170380	---	ttttt	----	gggata	aataaa	----	tttaaa	atcaa	ataaaaa	-----	gct
AF170396	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170397	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170398	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
<i>B. hypnoides</i> AF170399	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170400	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170401	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170402	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
<i>B. maxima</i> AF170403	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170404	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170405	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170406	ta-	tttttt	tattg	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170381	---	tttttt	----	ggata	atgaa	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170382	---	tttttt	----	ggata	atgaa	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170408	ga-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170409	ca-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170410	ca-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170411	ca-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
<i>B. plumosa</i> AF170412	aa-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170413	ga-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170414	ga-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170415	ca-	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttta	aaata	aaagta	ataaaa	-----	gct
AF170383	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170384	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170385	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170386	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170387	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170388	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170389	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170390	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170391	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170392	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170393	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170394	tagt	tttttt	tttt	gataa	ataaac	tttc	aatcaa	attata	ataaaa	-----	gct
AF170407	caat	tttttt	tttt	gata	cataaac	tttc	aatcaa	at	ataaaa	-----	gct
<i>Bryopsis</i> 13	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 14	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>B. plumosa</i> 488	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 10	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 11	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 22	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 12	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 18	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 19	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 298	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 476	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 514 13	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 514 14	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 03	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 15	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 300 18	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 20	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 21	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 55	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt
<i>Bryopsis</i> 53	--	at	tttt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt

ANEXO 2. Continuación . . .

	408	413	418	423	428	433	438	443	448	453	458
<i>L. antarctica</i> AF170416											
<i>Derbesia</i> sp. 226	aattgc	-aaagag	atttgctt	gattag	tttt-cg	tatttt	-gtca	at	acag		
<i>Derbesia</i> sp. 222	actctat	-aagaa	atttact	tttag	tagttt	--agt	atttc	-gt	aaat	ccac	
<i>B. pennata</i> AF170377	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-gtt	ttt	ctg	aaaa	atccc
AF170376	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-at	ttt	ttc	gaaaa	attca
AF170373	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	catag	tttt	-at	ttt	ttc	gaaaa	attca
<i>B. pennata</i> AF170374	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	catag	tttt	-at	ttt	ttc	gaaaa	attca
AF170378	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	catag	tttt	-at	ttt	ttc	gaaaa	attca
AF170379	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	catag	tttt	-at	ttt	ttc	gaaaa	attca
AF170375	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-at	ttt	ttc	gaaaa	attca
AF170395	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170380	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-at	ttt	ttc	gaaaa	attca
AF170396	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170397	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170398	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
<i>B. hypnoides</i> AF170399	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170400	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170401	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170402	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
<i>B. maxima</i> AF170403	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170404	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170405	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170406	at-acg	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttg	-agt	ttt	ctg	aaaa	attca
AF170381	atcac	gtaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ctaa	aatgca
AF170382	atcac	gtaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ctaa	aatgca
AF170408	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
AF170409	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
AF170410	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
AF170411	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
<i>B. plumosa</i> AF170412	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
AF170413	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
AF170414	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
AF170415	at-acg	taaaga	aattt	gcata	agttag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	attta
AF170383	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170384	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170385	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170386	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170387	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170388	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170389	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170390	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170391	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170392	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170393	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-tt	ct	ctg	ataa	atgca
AF170394	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-at	ttt	ctg	ataa	atgca
AF170407	at-aag	taaaga	aattt	gcata	aattag	tttt	-gt	ttt	ctg	ataa	actgca
<i>Bryopsis</i> 13	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 14	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>B. plumosa</i> 488	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 10	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 11	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 22	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 12	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 18	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	acag	tttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 19	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	attca
<i>Bryopsis</i> 298	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 476	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 514 13	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 514 14	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 03	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 15	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 300 18	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 20	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 21	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 55	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc
<i>Bryopsis</i> 53	at-atg	taaaga	aattt	ggccta	tata	tagttt	-tt	ttt	ctg	aaaa	atccc



ANEXO 2. Continuación . . .

	510	515	520	525	530	535	540	545	550	555	560
<i>L. antarctica</i> AF170416											
<i>Derbesia</i> sp. 226	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aataatt	tataca	ataaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Derbesia</i> sp. 222	tttcg	tgaac	caccac	cgat	tatt	taataa	aaaaa	gtat	taaaa	-----cc	
<i>B. pennata</i> AF170377	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	-----cc		
AF170376	tttcg	tgaac	ctcca	agt-t	tatt	aaatag	tt---a	ataaaaa	aaaaaa	cc	
AF170373	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca---a	ataaaaa	aaaaaa	cc	
<i>B. pennata</i> AF170374	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca---a	ataaaaa	aaaaaa	cc	
AF170378	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca---a	ataaaaa	aaaaaa	cc	
AF170379	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca---a	ataaaaa	aaaaaa	cc	
AF170375	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tt---a	ataaaaa	aaaaaa	cc	
AF170395	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170380	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatca-at	agcaaaa	-----cc			
AF170396	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170397	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170398	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
<i>B. hypnoides</i> AF170399	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170400	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170401	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170402	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
<i>B. maxima</i> AF170403	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170404	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170405	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	aaaaaa	cc	
AF170406	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-g	taataa	agaaaa	cc	
AF170381	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-at	cataaa	aaaaaa	cc	
AF170382	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-at	cataaa	aaaaaa	cc	
AF170408	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ac	actaaaa	aaaaaa	cc	
AF170409	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ac	actaaaa	aaaaaa	cc	
AF170410	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ac	actaaaa	aaaaaa	cc	
AF170411	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ac	actaaaa	aaaaaa	cc	
<i>B. plumosa</i> AF170412	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-at	gtaaaa	aaaaaa	cc	
AF170413	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ac	actaaaa	aaaaaa	cc	
AF170414	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ac	actaaaa	aaaaaa	cc	
AF170415	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ac	actaaaa	aaaaaa	cc	
AF170383	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170384	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170385	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170386	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170387	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170388	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170389	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170390	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170391	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170392	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170393	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170394	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	ataaaa	aaaaaa	ct	
AF170407	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tta-ata	gataaaa	aaaaaa	ct	
<i>Bryopsis</i> 13	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 14	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>B. plumosa</i> 488	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 10	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 11	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 22	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 12	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 18	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 19	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 298	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 476	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 514 13	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 514 14	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 03	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 15	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 300 18	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 20	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 21	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 55	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	
<i>Bryopsis</i> 53	tttcg	tgaac	ctccac	gtatt	tataaa	aatag	tca-ata	caaaaa	aaaaaa	cc	

ANEXO 2. Continuación . . .

	561	566	571	576	581	586	591	596	601	606	611
<i>L. antarctica</i> AF170416	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Derbesia</i> sp. 226	g	-	t	a	c	a	a	a	a	a	a
<i>Derbesia</i> sp. 222	g	-	t	a	t	a	g	a	a	a	a
<i>B. pennata</i> AF170377	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170376	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170373	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>B. pennata</i> AF170374	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170378	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170379	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170375	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170395	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170380	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170396	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170397	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170398	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>B. hypnoides</i> AF170399	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170400	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170401	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170402	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>B. maxima</i> AF170403	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170404	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170405	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170406	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170381	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170382	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170408	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170409	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170410	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170411	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>B. plumosa</i> AF170412	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170413	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170414	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170415	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170383	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170384	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170385	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170386	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170387	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170388	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170389	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170390	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170391	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170392	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170393	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170394	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
AF170407	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 13	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 14	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>B. plumosa</i> 488	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 10	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 11	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 22	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 12	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 18	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 19	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 298	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 476	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 514 13	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 514 14	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 03	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 15	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 300 18	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 20	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 21	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 55	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t
<i>Bryopsis</i> 53	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t	t



ANEXO 2. Continuación . . .

	663	668	673	678	683	688	693	698
<i>L. antarctica</i> AF170416	-----c-aaaaaaaaacacaaaaaa4acaaaccaa							
<i>Derbesia</i> sp. 226	--a-----c-ac---acc-acaacaaaaacacacaac							
<i>Derbesia</i> sp. 222	-aa-----aaac---acc-aaaaaaacacac-acaac							
<i>B. pennata</i> AF170377	ac-aaac-acaacacacaacaaac--accacaaaccaa							
AF170376	ac-ac---acaacacacaacaaac--c-5acaaaccaa							
AF170373	ac-ac---acaacacacaacaaac--c-tacaaaccaa							
<i>B. pennata</i> AF170374	ac-ac---acaacacacaacaaac--c-tacaaacac							
AF170378	ac-ac---acaacacacaacaaac--c-tacaaaccaa							
AF170379	ac-ac---acaacacacaacaaac--c-tacaaaccaa							
AF170375	ac-ac---acaacacacaacaaac--c-4acaaaccaa							
AF170395	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170380	ac-ac---acaacacacaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170396	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170397	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170398	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
<i>B. hypnoides</i> AF170399	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170400	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170401	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170402	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
<i>B. maxima</i> AF170403	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170404	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170405	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170406	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170381	aaaac---aaaac-aaaacaaac--actacaaaccaa							
AF170382	aaaac---aaaac-aaaacaaac--actacaaaccaa							
AF170408	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170409	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--actacaaaccaa							
AF170410	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--actacaaaccaa							
AF170411	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--actacaaaccaa							
<i>B. plumosa</i> AF170412	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170413	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170414	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--acgacaaaccaa							
AF170415	aaacaaacaaaaac-acaacaaac--actacaaaccaa							
AF170383	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170384	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170385	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170386	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170387	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170388	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170389	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170390	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170391	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170392	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170393	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170394	aaacaaaaaacacacacaaaaaaacaccacaaacacaa							
AF170407	aaaaaaaaaacaccacaaaaaaacaccacaaacacaa							
<i>Bryopsis</i> 13	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 14	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>B. plumosa</i> 488	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 10	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 11	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 22	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 12	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 18	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 19	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 298	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 476	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 514 13	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 514 14	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 03	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 15	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 300 18	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 20	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 21	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 55	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							
<i>Bryopsis</i> 53	c--aacaaacaaacacaaacaaac--accacaaaccaa							



ANEXO 3. Continuación . . .

	51	56	61	66	71	76	81	86	91	96	101		
<i>L. antarctica</i> AF170416													
<i>Derbesia</i> sp. 226	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----		
<i>Derbesia</i> sp. 222	tagtaata	tttctaaa	catatga	atataagg	aaaacatta	actaataa	ttc-----	tttaa--	tcattat	gaatgaa	agcactac	tat--tg	taacaaa
<i>B. pennata</i> AF170377	atccaaa	ataagtt	ag-gaata	atcggatt	ccaaa-----	atat-atta							
AF170376	at-ca--	agaaaat	tagcgaata	aatccggatt	----	aaacca-ta	ataatta						
AF170373	attcaaaa	gaggttag	cgaataaa	atcggatt	tataaa	tacaaaaat	gatta						
<i>B. pennata</i> AF170374	attcaaaa	gaggttag	cgaataaa	atcggatt	tataaa	tacaaaaat	gatta						
AF170378	attcaaaa	gaggttag	cgaataaa	atcggatt	tataaa	tacaaaaat	gatta						
AF170379	attcaaaa	gaggttag	cgaataaa	atcggatt	tataaa	tacaaaaat	gatta						
AF170375	attcaaaa	gaggttag	cgaataaa	atcggatt	tataaa	tacaaaaat	gatta						
AF170395	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170380	attcaaaa	taagttat	cgaataaa	atcggatt	-atcaata	ccaaaatt	tatta						
AF170396	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170397	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170398	at-cgaaa	aaactt-g	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
<i>B. hypnoides</i> AF170399	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170400	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170401	at-cgaaa	aaactt-g	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170402	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
<i>B. maxima</i> AF170403	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170404	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170405	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170406	attcgaaaa	aaacttag	catataaa	atcgaact	tataatt	gtgaaaaga	atta						
AF170381	attcctaaa	aaagttag	gccataaa	tcaaaatt	at-----	gtaaaata	-taa						
AF170382	attcctaaa	aaagttag	gccataaa	tcaaaatt	at-----	gtaaaata	atta						
AF170408	agtcgaaa	aaaaat	taacacata	aaatcggaa	ttataatt	tataaaaga	atta						
AF170409	agtcgaaa	aaaaat	taacacata	aaatcggaa	ttataatt	tataaaaga	atta						
AF170410	agtcgaaa	aaaaat	taacacata	aaatcggaa	ttataatt	tataaaaga	atta						
AF170411	agtcgaaa	aaaaat	taacacata	aaatcggaa	ttataatt	tataaaaga	atta						
<i>B. plumosa</i> AF170412	attcgaaaa	aaattag	catataaa	atcgaatt	tataact-	ataaaaga	atta						
AF170413	agtcgaaa	aaaaat	taacacata	aaatcggaa	ttataatt	tataaaaga	atta						
AF170414	agtcgaaa	aaaaat	taacacata	aaatcggaa	ttataatt	tataaaaga	atta						
AF170415	agtcgaaa	aaaaat	taacacata	aaatcggaa	ttataatt	tataaaaga	atta						
AF170383	at-ctaaa	aaattt	taacttaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170384	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170385	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170386	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170387	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170388	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170389	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170390	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170391	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170392	at-ctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170393	attcctaaa	aaaaat	taacataaaa	aatcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170394	tt-ctaaa	aaaaat	taacttata	atcgaatt	----	attttata	aaataatta						
AF170407	atgc-caa	acaatta	acata-aa	atcgaatt	----	tttccata	aaataatta						
<i>Bryopsis</i> 13	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 14	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>B. plumosa</i> 488	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 10	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 11	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 22	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 12	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 18	attcgaaa	taagttag	tgaatagat	cggattt	ctaaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 19	attcaaac	agaggttag	cgaataaa	atcggatt	tataaa-----	acttgatta							
<i>Bryopsis</i> 298	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 476	attcaaaa	taagttag	ggaataaa	atcggatt	tctaaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 514 13	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 514 14	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 03	atttaaaa	taagttag	gaaataaa	acggatt	tctaaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 15	atttaaaa	taagttag	gaaataaa	acggatt	tctaaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 300 18	attcggaa	taagttag	ggaataaa	atcggatt	tctaaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 20	attcaaa	gtaggtg	gggataa	atcggatt	tctata-----	aaa--ttt							
<i>Bryopsis</i> 21	acaaag	agtgtgt	aa--ataa	atcggatt	tcttta-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 55	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						
<i>Bryopsis</i> 53	attcaaaa	taagttag	tgaataaa	atcggatt	tataaa-----	aaatatt	ta						

ANEXO 3. Continuación . . .

	102	107	112	117	122	127	132	137	142	147	152
<i>L. antarctica</i> AF170416											
<i>Derbesia</i> sp. 226	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
<i>Derbesia</i> sp. 222	caagtatattatataa-----gtctcctatcttttctaattagaataaac	ca--tatattatataa-----gac-cttatctttattacataaacgcaaac									
<i>B. pennata</i> AF170377	aaggaattatggttaggccaaaagaa-taaaccttctctttaccaataaatt										
AF170376	aaggaataa-gttaaatacaaaataaataac-tttccttga----g-att-										
AF170373	tatgtattatgataaaacaaaataaataacctttccttgacgacggatt										
<i>B. pennata</i> AF170374	tatgtattatgataaaacaaaataaataacctttccttgacgacggatt										
AF170378	tatgtattatgataaaacaaaataaataacctttccttgacgacggatt										
AF170379	tatgtattatgataaaacaaaataaataacctttccttgacgacggatt										
AF170375	tatgtattatgataaaacaaaataaataacctttccttgacgactgatt										
AF170395	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
AF170380	taggtattatgataagcaaaaataaataaccttctctttacgaataa-tt										
AF170396	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
AF170397	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
AF170398	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
<i>B. hypnoides</i> AF170399	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
<i>Bryopsis</i> sp. AF170400	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
<i>Bryopsis</i> sp. AF170401	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
<i>Bryopsis</i> sp. AF170402	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
<i>B. maxima</i> AF170403	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
AF170404	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
AF170405	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
AF170406	aata-attatggttaa-agcgaataaataacctgatcttgaata-caatta										
AF170381	ataatattatgataaaaagctgattaataataacttgatctttaaagtaaaatt										
AF170382	aatatattatgataaaaagctgattaataataacttgatctttaaagtaaaatt										
AF170408	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttaaaaaatttt										
AF170409	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttaaaaaatttt										
AF170410	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttaaaaaatttt										
AF170411	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttaaaaa-tttt										
<i>B. plumosa</i> AF170412	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttagaaaaatttt										
AF170413	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttaaaaaatttt										
AF170414	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttaaaaaatttt										
AF170415	aata-attatggttaa-aactaattaataaccagatcttttaaaaaatttt										
AF170383	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170384	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170385	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170386	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170387	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170388	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170389	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170390	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170391	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170392	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170393	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccga-tctttaataataat--										
AF170394	tata-aatatgataa-aaaaataaataataaccgaatctttaataataat--										
AF170407	tata-attatgataa-aataaataaataataacctaactctttaataaaaaatt										
<i>Bryopsis</i> 13	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 14	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>B. plumosa</i> 488	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 10	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 11	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 22	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 12	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 18	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 19	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 298	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 476	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 514 13	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 514 14	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 03	ttgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 15	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 300 18	t-tgtttaaggttaaagcaaaaat---taaaccttctctttaccaata-ttt										
<i>Bryopsis</i> 20	attgttttttgataggcaaaaattgattctaccttctctttccaa---ttt										
<i>Bryopsis</i> 21	atggtttttgataggcaaaaattgataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 55	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										
<i>Bryopsis</i> 53	tatgtattatgataagcaaaaataaataataaccttctctttaccaataaatt										



ANEXO 3. Continuación . . .

	204	209	214	219	224	229	234	239	244	249	254	
<i>L. antarctica</i> AF170416												
<i>Derbesia</i> sp. 226	aaaattgagtatt	cgatctcagcaa	aatatctt	tattattaa	tacaac	tcta	---	cttc-acag-	gactttta	actaact	ttt	atcg
<i>Derbesia</i> sp. 222	---ctct-atag-	agatatcact	tttactc	tttattg	tttaata	agatttc	g	g	g	g	g	g
<i>B. pennata</i> AF170377	aat-atagctat-	gttaaacc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
AF170376	aact-atagctat-	attaaatc	aaaagta	tcctact	attatgc	--aatc	t	t	t	t	t	t
AF170373	aact-atagccat-	attaaatc	aaaagta	tcctact	attatgc	--aatc	t	t	t	t	t	t
<i>B. pennata</i> AF170374	aact-atagccat-	attaaatc	aaaagta	tcctact	attatgc	--aatc	t	t	t	t	t	t
AF170378	aact-atagccat-	attaaatc	aaaagta	tcctact	attatgc	--aatc	t	t	t	t	t	t
AF170379	aact-atagccat-	attaaatc	aaaagta	tcctact	attatgc	--aatc	t	t	t	t	t	t
AF170375	aact-atagctat-	attaaatc	aaaagta	tcctact	attatgc	--aatc	t	t	t	t	t	t
AF170395	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170380	aatt-atagctat-	attaaatc	aaaagta	tcctact	attatgc	taaccta	a	a	a	a	a	a
AF170396	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	ttatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170397	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170398	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
<i>B. hypnoides</i> AF170399	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170400	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170401	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170402	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
<i>B. maxima</i> AF170403	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170404	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170405	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170406	atat-acagaatg-	agtacatc	aaaacta	tcctact	attatgc	gtaaccta	a	a	a	a	a	a
AF170381	ctatcacggaatt-	attctagc	aaaaata	aatctact	attacg	tacatc	t	t	t	t	t	t
AF170382	ctatcacggaatt-	attctagc	aaaaata	aatctact	attacg	tacatc	t	t	t	t	t	t
AF170408	agat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	cacactc	t	t	t	t	t	t
AF170409	atat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	cacactc	t	t	t	t	t	t
AF170410	atat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	cacactc	t	t	t	t	t	t
AF170411	atat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	cacactc	t	t	t	t	t	t
<i>B. plumosa</i> AF170412	atat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	catgctc	t	t	t	t	t	t
AF170413	agat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	cacactc	t	t	t	t	t	t
AF170414	agat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	cacactc	t	t	t	t	t	t
AF170415	atat-acagagtt-	attatatt	aaaaata	tcctact	attacg	cacactc	t	t	t	t	t	t
AF170383	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170384	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170385	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170386	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170387	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170388	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170389	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170390	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170391	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170392	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170393	tatt-aaagaatt	ttatagc	aaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170394	tatt-aaagaatt	tattatag	caaagata	tcctact	attaag	tataat	t	t	t	t	t	t
AF170407	-att-aaagaatt	tgattatc	gcaaaa	acatc	ctactat	taaatat	g	g	g	g	g	g
<i>Bryopsis</i> 13	aaat-atagctatg-	ttaaatc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 14	aaat-atagctatg-	ttaaatc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>B. plumosa</i> 488	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 10	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 11	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 22	aaat-atagctatg-	ttaaatc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 12	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 18	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 19	aact-atagctatt-	ttaaatc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaacta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 298	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 476	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	agtag	atgcataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 514 13	aaat-atagctatg-	ttaaatc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 514 14	aaat-atagctatg-	ttaaatc	caaagta	tcctact	agtag	atgcataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 03	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 15	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 300 18	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 20	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 21	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	agtag	ctgcataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 55	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a
<i>Bryopsis</i> 53	aaat-atagctatg-	ttaaaccc	caaagta	tcctact	attatgc	ataaccta	a	a	a	a	a	a

ANEXO 3. Continuación . . .

	255	260	265	270	275	280	285	290	295	300	305
<i>L. antarctica</i> AF170416											
<i>Derbesia</i> sp. 226	ggatctgcaatcataat-aa-----c-aaaaacacaaaa4										
<i>Derbesia</i> sp. 222	ggatct-tagaagggcaaa4ac-aaaaag-----c-ac-acc-acaaaa										
<i>B. pennata</i> AF170377	agacct-ttgaagggcaaaagcacaacaaac-a-----aac-acc-acaaaca										
AF170376	gggcttccaatgataactaagcacaacaaac6acaaa-acaacaacaac-acc										
AF170373	gggcttccaatgataacta5taaca-ca-6acac--acaacaacaac-c-5										
<i>B. pennata</i> AF170374	gggcttccaatgataacta46aacaaaaac5acac--acaacaacaac-c-t										
AF170378	gggcttccaatgataacta56aacaaaaac4acac--acaacaacaac-c-t										
AF170379	gggcttccaatg-56aacaaaaac6acac--acaacaacaac-c-t										
AF170375	gggcttccaatgataacta6caacaaaaac6acac--acaacaacaac-c-4										
AF170395	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170380	gaggttccaatgataactaacaacaaaaac6acac--acaacaacaac-acg										
AF170396	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170397	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170398	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
<i>B. hypnoides</i> AF170399	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170400	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170401	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170402	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
<i>B. maxima</i> AF170403	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170404	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170405	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170406	gaggttccaatgataactataaacacaaa6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170381	ggagcttcaatgataactataaacacaaa8aac--aaaacaacaac-act										
AF170382	ggagcttcaatgataacta6aaaaaaaaac8aac--aaaacaacaac-act										
AF170408	aaggctccaatgataactg6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170409	aaggctccaatgataactg6aacacaacaaacccaacaac-act										
AF170410	aaggctccaatgataactg6aacacaacaaacccaacaac-act										
AF170411	aaggctccaatgataactg6aacacaacaaacccaacaac-act										
<i>B. plumosa</i> AF170412	aagcctccaatgataactg5aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170413	aaggctcc-atgataactg6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170414	aaggctccaatgataactg6aacacaacaaacccaacaac-acg										
AF170415	aaggctccaatgataactg6aacacaacaaacccaacaac-act										
AF170383	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170384	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170385	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170386	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170387	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170388	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170389	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170390	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170391	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170392	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170393	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170394	aatatccaatgataactataaacacaaac-7aacaaaaacaacaaaaaacacc										
AF170407	aatatcgcaatgataacta4aacacaaa-7aaaaaaaaacaacaaaaaacacc										
<i>Bryopsis</i> 13	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 14	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>B. plumosa</i> 488	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 10	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 11	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 22	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 12	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 18	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 19	gggc--caatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 298	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 476	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 514 13	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 514 14	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 03	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 15	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 300 18	gggcttccaatgataactaac-acaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 20	gggcttccaatgatacaaacaccca-ac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 21	gggcttccaatgataactaaccacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 55	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										
<i>Bryopsis</i> 53	gggcttccaatgataactaacaacaaaaac7c-aacaacaacaaacac-acc										

ANEXO 3. Continuación . . .

	306	311
<i>L. antarctica</i> AF170416	acacca	
<i>Derbesia</i> sp. 226	caacac	
<i>Derbesia</i> sp. 222	caacac	
<i>B. pennata</i> AF170377	acacca	
AF170376	acaaca	
AF170373	acaaca	
<i>B. pennata</i> AF170374	acaacc	
AF170378	acaaca	
AF170379	acaaca	
AF170375	acaaca	
AF170395	acaaca	
AF170380	acaaca	
AF170396	acaaca	
AF170397	acaaca	
AF170398	acaaca	
<i>B. hypnoides</i> AF170399	acaaca	
AF170400	acaaca	
AF170401	acaaca	
AF170402	acaaca	
<i>B. maxima</i> AF170403	acaaca	
AF170404	acaaca	
AF170405	acaaca	
AF170406	acaaca	
AF170381	acaaca	
AF170382	acaaca	
AF170408	acaaca	
AF170409	acaaca	
AF170410	acaaca	
AF170411	acaaca	
<i>B. plumosa</i> AF170412	acaaca	
AF170413	acaac-	
AF170414	acaaca	
AF170415	acaaca	
AF170383	accaca	
AF170384	accaca	
AF170385	accaca	
AF170386	accaca	
AF170387	accaca	
AF170388	accaca	
AF170389	accaca	
AF170390	accaca	
AF170391	accaca	
AF170392	accaca	
AF170393	accaca	
AF170394	accaca	
AF170407	accaca	
<i>Bryopsis</i> 13	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 14	acaaca	
<i>B. plumosa</i> 488	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 10	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 11	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 22	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 12	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 18	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 19	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 298	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 476	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 514 13	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 514 14	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 03	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 15	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 300 18	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 20	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 21	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 55	acaaca	
<i>Bryopsis</i> 53	acaa	

**Anexo 4.** Matriz de Divergencias Genéticas. El análisis se llevó a cabo en MEGA6 utilizando el modelo evolutivo de Tamura 3–parámetros e involucró a los 66 taxa del estudio (incluido el grupo externo –OG).

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
<b>1</b> <i>L_antarctica_AF170416</i>																		
<b>2</b> <i>Derbesia_sp_226</i>	0.333																	
<b>3</b> <i>Derbesia_sp_222</i>	0.313	0.210																
<b>4</b> <i>B. pennata_AF170377</i>	0.253	0.357	0.331															
<b>5</b> <i>AF170376</i>	0.246	0.340	0.342	0.034														
<b>6</b> <i>AF170373</i>	0.247	0.340	0.342	0.034	0.023													
<b>7</b> <i>B. pennata_AF170374</i>	0.247	0.340	0.342	0.034	0.023	0.000												
<b>8</b> <i>AF170378</i>	0.247	0.340	0.342	0.034	0.023	0.000	0.000											
<b>9</b> <i>AF170379</i>	0.247	0.340	0.342	0.034	0.023	0.000	0.000	0.000										
<b>10</b> <i>AF170375</i>	0.239	0.331	0.332	0.028	0.006	0.017	0.017	0.017	0.017									
<b>11</b> <i>AF170395</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064								
<b>12</b> <i>AF170380</i>	0.247	0.312	0.322	0.034	0.035	0.035	0.035	0.035	0.035	0.029	0.083							
<b>13</b> <i>AF170396</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083						
<b>14</b> <i>AF170397</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000					
<b>15</b> <i>AF170398</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000				
<b>16</b> <i>B.hypnoides_AF170399</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000			
<b>17</b> <i>AF170400</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000		
<b>18</b> <i>AF170401</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<b>19</b> <i>AF170402</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<b>20</b> <i>B. maxima_AF170403</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<b>21</b> <i>AF170404</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<b>22</b> <i>AF170405</i>	0.215	0.331	0.340	0.082	0.070	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<b>23</b> <i>AF170406</i>	0.223	0.331	0.349	0.089	0.076	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.006	0.089	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006
<b>24</b> <i>AF170381</i>	0.214	0.312	0.338	0.108	0.089	0.095	0.095	0.095	0.095	0.083	0.064	0.115	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064
<b>25</b> <i>AF170382</i>	0.214	0.312	0.338	0.108	0.089	0.095	0.095	0.095	0.095	0.083	0.064	0.115	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064
<b>26</b> <i>AF170409</i>	0.248	0.343	0.352	0.102	0.089	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.046	0.096	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046
<b>27</b> <i>AF170408</i>	0.248	0.343	0.352	0.102	0.089	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.046	0.096	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046
<b>28</b> <i>AF170410</i>	0.248	0.343	0.352	0.102	0.089	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.046	0.096	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046
<b>29</b> <i>AF170411</i>	0.248	0.343	0.352	0.102	0.089	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.046	0.096	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046
<b>30</b> <i>B. plumosa_AF170412</i>	0.258	0.354	0.363	0.109	0.096	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.065	0.103	0.065	0.065	0.065	0.065	0.065	0.065
<b>31</b> <i>AF170413</i>	0.248	0.343	0.352	0.102	0.089	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.046	0.096	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046
<b>32</b> <i>AF170414</i>	0.248	0.343	0.352	0.102	0.089	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.046	0.096	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046
<b>33</b> <i>AF170415</i>	0.248	0.343	0.352	0.102	0.089	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.046	0.096	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046

Anexo 4. Continuación . . .

	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
1 <i>L. antarctica</i> _AF170416																		
2 <i>Derbesia</i> _sp_226																		
3 <i>Derbesia</i> _sp_222																		
4 <i>B. pennata</i> _AF170377																		
5 AF170376																		
6 AF170373																		
7 <i>B. pennata</i> _AF170374																		
8 AF170378																		
9 AF170379																		
10 AF170375																		
11 AF170395																		
12 AF170380																		
13 AF170396																		
14 AF170397																		
15 AF170398																		
16 <i>B. hypnoides</i> _AF170399																		
17 AF170400																		
18 AF170401																		
19 AF170402																		
20 <i>B. maxima</i> _AF170403	0.000																	
21 AF170404	0.000	0.000																
22 AF170405	0.000	0.000	0.000															
23 AF170406	0.006	0.006	0.006	0.006														
24 AF170381	0.064	0.064	0.064	0.064	0.070													
25 AF170382	0.064	0.064	0.064	0.064	0.070	0.000												
26 AF170409	0.046	0.046	0.046	0.046	0.052	0.064	0.064											
27 AF170408	0.046	0.046	0.046	0.046	0.052	0.064	0.064	0.000										
28 AF170410	0.046	0.046	0.046	0.046	0.052	0.064	0.064	0.000	0.000									
29 AF170411	0.046	0.046	0.046	0.046	0.052	0.064	0.064	0.000	0.000	0.000								
30 <i>B. plumosa</i> _AF170412	0.065	0.065	0.065	0.065	0.071	0.077	0.077	0.017	0.017	0.017	0.017							
31 AF170413	0.046	0.046	0.046	0.046	0.052	0.064	0.064	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017						
32 AF170414	0.046	0.046	0.046	0.046	0.052	0.064	0.064	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000					
33 AF170415	0.046	0.046	0.046	0.046	0.052	0.064	0.064	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000				

Anexo 4. Continuación . . .

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
34 AF170383	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
35 AF170384	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
36 AF170385	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
37 AF170386	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
38 AF170387	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
39 AF170388	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
40 AF170389	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
41 AF170390	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
42 AF170391	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
43 AF170392	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
44 AF170393	0.258	0.388	0.377	0.122	0.102	0.109	0.109	0.109	0.109	0.096	0.090	0.130	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090	0.090
45 AF170394	0.249	0.378	0.367	0.115	0.095	0.102	0.102	0.102	0.102	0.089	0.083	0.123	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
46 AF170407	0.258	0.357	0.366	0.142	0.115	0.129	0.129	0.129	0.129	0.115	0.109	0.136	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109
47 <i>Bryopsis</i> _13	0.254	0.339	0.333	0.011	0.023	0.023	0.023	0.023	0.023	0.017	0.070	0.023	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070
48 <i>Bryopsis</i> _14	0.254	0.339	0.333	0.011	0.023	0.023	0.023	0.023	0.023	0.017	0.070	0.023	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070
49 <i>B. plumosa</i> _488	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
50 <i>Bryopsis</i> _10	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
51 <i>Bryopsis</i> _11	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
52 <i>Bryopsis</i> _22	0.254	0.339	0.333	0.011	0.023	0.023	0.023	0.023	0.023	0.017	0.070	0.023	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070
53 <i>Bryopsis</i> _12	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
54 <i>Bryopsis</i> _18	0.271	0.378	0.351	0.023	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.040	0.095	0.046	0.095	0.095	0.095	0.095	0.095	0.095
55 <i>Bryopsis</i> _19	0.255	0.340	0.341	0.023	0.017	0.017	0.017	0.017	0.017	0.011	0.064	0.023	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064	0.064
56 <i>Bryopsis</i> _298	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
57 <i>Bryopsis</i> _476	0.253	0.357	0.331	0.011	0.034	0.034	0.034	0.034	0.034	0.028	0.082	0.034	0.082	0.082	0.082	0.082	0.082	0.082
58 <i>Bryopsis</i> _514_13	0.254	0.339	0.333	0.011	0.023	0.023	0.023	0.023	0.023	0.017	0.070	0.023	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070	0.070
59 <i>Bryopsis</i> _514_14	0.262	0.348	0.341	0.017	0.028	0.028	0.028	0.028	0.028	0.023	0.076	0.028	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
60 <i>Bryopsis</i> _03	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
61 <i>Bryopsis</i> _15	0.254	0.359	0.332	0.011	0.034	0.035	0.035	0.035	0.035	0.029	0.083	0.035	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083
62 <i>Bryopsis</i> _300_18	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
63 <i>Bryopsis</i> _20	0.253	0.358	0.331	0.011	0.034	0.034	0.034	0.034	0.034	0.028	0.082	0.034	0.082	0.082	0.082	0.082	0.082	0.082
64 <i>Bryopsis</i> _21	0.269	0.357	0.348	0.023	0.046	0.046	0.046	0.046	0.046	0.040	0.095	0.046	0.095	0.095	0.095	0.095	0.095	0.095
65 <i>Bryopsis</i> _55	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076
66 <i>Bryopsis</i> _53	0.246	0.349	0.323	0.006	0.028	0.029	0.029	0.029	0.029	0.023	0.076	0.029	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076	0.076

Anexo 4. Continuación . . .

	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36
34 AF170383	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077			
35 AF170384	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000		
36 AF170385	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	
37 AF170386	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
38 AF170387	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
39 AF170388	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
40 AF170389	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
41 AF170390	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
42 AF170391	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
43 AF170392	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
44 AF170393	0.090	0.090	0.090	0.090	0.096	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.083	0.096	0.083	0.083	0.083	0.006	0.006	0.006
45 AF170394	0.083	0.083	0.083	0.083	0.090	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.077	0.090	0.077	0.077	0.077	0.000	0.000	0.000
46 AF170407	0.109	0.109	0.109	0.109	0.116	0.096	0.096	0.103	0.103	0.103	0.103	0.102	0.103	0.103	0.103	0.034	0.034	0.034
47 <i>Bryopsis</i> _13	0.070	0.070	0.070	0.070	0.076	0.102	0.102	0.089	0.089	0.089	0.089	0.096	0.089	0.089	0.089	0.109	0.109	0.109
48 <i>Bryopsis</i> _14	0.070	0.070	0.070	0.070	0.076	0.102	0.102	0.089	0.089	0.089	0.089	0.096	0.089	0.089	0.089	0.109	0.109	0.109
49 <i>B. plumosa</i> _488	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
50 <i>Bryopsis</i> _10	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
51 <i>Bryopsis</i> _11	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
52 <i>Bryopsis</i> _22	0.070	0.070	0.070	0.070	0.076	0.102	0.102	0.089	0.089	0.089	0.089	0.096	0.089	0.089	0.089	0.109	0.109	0.109
53 <i>Bryopsis</i> _12	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
54 <i>Bryopsis</i> _18	0.095	0.095	0.095	0.095	0.102	0.121	0.121	0.116	0.116	0.116	0.116	0.123	0.116	0.116	0.116	0.129	0.129	0.129
55 <i>Bryopsis</i> _19	0.064	0.064	0.064	0.064	0.070	0.095	0.095	0.083	0.083	0.083	0.083	0.089	0.083	0.083	0.083	0.102	0.102	0.102
56 <i>Bryopsis</i> _298	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
57 <i>Bryopsis</i> _476	0.082	0.082	0.082	0.082	0.089	0.108	0.108	0.102	0.102	0.102	0.102	0.109	0.102	0.102	0.102	0.115	0.115	0.115
58 <i>Bryopsis</i> _514_13	0.070	0.070	0.070	0.070	0.076	0.102	0.102	0.089	0.089	0.089	0.089	0.096	0.089	0.089	0.089	0.109	0.109	0.109
59 <i>Bryopsis</i> _514_14	0.076	0.076	0.076	0.076	0.082	0.108	0.108	0.095	0.095	0.095	0.095	0.102	0.095	0.095	0.095	0.115	0.115	0.115
60 <i>Bryopsis</i> _03	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
61 <i>Bryopsis</i> _15	0.083	0.083	0.083	0.083	0.089	0.108	0.108	0.102	0.102	0.102	0.102	0.110	0.102	0.102	0.102	0.115	0.115	0.115
62 <i>Bryopsis</i> _300_18	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
63 <i>Bryopsis</i> _20	0.082	0.082	0.082	0.082	0.089	0.108	0.108	0.102	0.102	0.102	0.102	0.109	0.102	0.102	0.102	0.115	0.115	0.115
64 <i>Bryopsis</i> _21	0.095	0.095	0.095	0.095	0.101	0.121	0.121	0.115	0.115	0.115	0.115	0.122	0.115	0.115	0.115	0.128	0.128	0.128
65 <i>Bryopsis</i> _55	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109
66 <i>Bryopsis</i> _53	0.076	0.076	0.076	0.076	0.083	0.102	0.102	0.096	0.096	0.096	0.096	0.103	0.096	0.096	0.096	0.109	0.109	0.109

Anexo 4. Continuación . . .

	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54
34 AF170383																		
35 AF170384																		
36 AF170385																		
37 AF170386																		
38 AF170387	0.000																	
39 AF170388	0.000	0.000																
40 AF170389	0.000	0.000	0.000															
41 AF170390	0.000	0.000	0.000	0.000														
42 AF170391	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000													
43 AF170392	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000												
44 AF170393	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006	0.006											
45 AF170394	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.006										
46 AF170407	0.034	0.034	0.034	0.034	0.034	0.034	0.034	0.040	0.034									
47 <i>Bryopsis</i> _13	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135								
48 <i>Bryopsis</i> _14	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.000							
49 <i>B. plumosa</i> _488	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006						
50 <i>Bryopsis</i> _10	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000					
51 <i>Bryopsis</i> _11	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000	0.000				
52 <i>Bryopsis</i> _22	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.000	0.000	0.006	0.006	0.006			
53 <i>Bryopsis</i> _12	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000	0.000	0.000	0.006		
54 <i>Bryopsis</i> _18	0.129	0.129	0.129	0.129	0.129	0.129	0.129	0.136	0.129	0.156	0.023	0.023	0.017	0.017	0.017	0.023	0.017	
55 <i>Bryopsis</i> _19	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.102	0.109	0.102	0.128	0.011	0.011	0.017	0.017	0.017	0.011	0.017	0.034
56 <i>Bryopsis</i> _298	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.017
57 <i>Bryopsis</i> _476	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.122	0.115	0.142	0.011	0.011	0.006	0.006	0.006	0.011	0.006	0.023
58 <i>Bryopsis</i> _514_13	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.000	0.000	0.006	0.006	0.006	0.000	0.006	0.023
59 <i>Bryopsis</i> _514_14	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.122	0.115	0.142	0.006	0.006	0.011	0.011	0.011	0.006	0.011	0.028
60 <i>Bryopsis</i> _03	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.017
61 <i>Bryopsis</i> _15	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.122	0.115	0.142	0.011	0.011	0.006	0.006	0.006	0.011	0.006	0.023
62 <i>Bryopsis</i> _300_18	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.017
63 <i>Bryopsis</i> _20	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.115	0.122	0.115	0.142	0.011	0.011	0.006	0.006	0.006	0.011	0.006	0.023
64 <i>Bryopsis</i> _21	0.128	0.128	0.128	0.128	0.128	0.128	0.128	0.135	0.128	0.156	0.023	0.023	0.017	0.017	0.017	0.023	0.017	0.034
65 <i>Bryopsis</i> _55	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.017
66 <i>Bryopsis</i> _53	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.109	0.115	0.109	0.135	0.006	0.006	0.000	0.000	0.000	0.006	0.000	0.017

Anexo 4. Continuación . . .

	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66
34 AF170383												
35 AF170384												
36 AF170385												
37 AF170386												
38 AF170387												
39 AF170388												
40 AF170389												
41 AF170390												
42 AF170391												
43 AF170392												
44 AF170393												
45 AF170394												
46 AF170407												
47 <i>Bryopsis</i> _13												
48 <i>Bryopsis</i> _14												
49 <i>B. plumosa</i> _488												
50 <i>Bryopsis</i> _10												
51 <i>Bryopsis</i> _11												
52 <i>Bryopsis</i> _22												
53 <i>Bryopsis</i> _12												
54 <i>Bryopsis</i> _18												
55 <i>Bryopsis</i> _19												
56 <i>Bryopsis</i> _298	0.017											
57 <i>Bryopsis</i> _476	0.023	0.006										
58 <i>Bryopsis</i> _514_13	0.011	0.006	0.011									
59 <i>Bryopsis</i> _514_14	0.017	0.011	0.006	0.006								
60 <i>Bryopsis</i> _03	0.017	0.000	0.006	0.006	0.011							
61 <i>Bryopsis</i> _15	0.023	0.006	0.011	0.011	0.017	0.006						
62 <i>Bryopsis</i> _300_18	0.017	0.000	0.006	0.006	0.011	0.000	0.006					
63 <i>Bryopsis</i> _20	0.023	0.006	0.011	0.011	0.017	0.006	0.011	0.006				
64 <i>Bryopsis</i> _21	0.034	0.017	0.011	0.023	0.017	0.017	0.023	0.017	0.023			
65 <i>Bryopsis</i> _55	0.017	0.000	0.006	0.006	0.011	0.000	0.006	0.000	0.006	0.017		
66 <i>Bryopsis</i> _53	0.017	0.000	0.006	0.006	0.011	0.000	0.006	0.000	0.006	0.017	0.000	

