



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
POSGRADO EN CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA
UNIDAD ACADÉMICA MAZATLÁN
(BIOLOGÍA MARINA)

**REVISIÓN TAXONÓMICA DE LA FAMILIA ARIIDAE DEL PACÍFICO
MEXICANO MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES**

T E S I S

**QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:
MAESTRA EN CIENCIAS**

PRESENTA:

IBT. MISHA YAZMÍN HERNÁNDEZ LOZANO

TUTOR:

DR. FELIPE AMEZCUA MARTÍNEZ

**INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA,
UNIDAD ACADÉMICA MAZATLÁN, UNAM**

DR. FEDERICO ALBERTO ABREU GROBOIS

**INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA,
UNIDAD ACADÉMICA MAZATLÁN, UNAM**

COMITÉ TUTOR

DR. JOSÉ ANTONIO CRUZ BARRAZA

INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA

DR. FRANCISCO JAVIER GARCÍA RODRÍGUEZ

POSGRADO EN CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA

DR. MANUEL URIBE ALCOCER

INSTITUTO DE CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA

CIUDAD DE MÉXICO, JULIO 2017



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.



Posgrado en Ciencias del Mar y Limnología
Universidad Nacional Autónoma de México



**REVISIÓN TAXONÓMICA DE LA FAMILIA ARIIDAE DEL PACÍFICO
MEXICANO MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES**

T E S I S

Que para obtener el grado académico de:

Maestro en Ciencias

(Biología Marina)

P R E S E N T A

IBT. Misha Yazmín Hernández Lozano

DIRECTOR DE TESIS

Dr. Felipe Amezcua Martínez

Dr. Federico Alberto Abreu Grobois

COMITÉ TUTOR

Dr. José Antonio Cruz Barraza

Dr. Francisco Javier García Rodríguez

Dr. Manuel Uribe Alcocer

Ciudad de México, Julio de 2017.

AGRADECIMIENTOS

Al Posgrado de Ciencias del Mar y Limnología de la máxima casa de estudios, Universidad Nacional Autónoma de México, así como a su personal siempre profesional, encargados de formar recursos humanos de alto nivel.

A CONACYT, por la beca otorgada durante dos años para hacer posible la culminación de esta tesis.

Gratifico al proyecto PAPIIT (IN208911) que aportó las bases para la realización de la presente investigación.

Al Dr. Felipe Amezcua Martínez, director de esta Tesis, por darme la oportunidad de realizarla, por la minuciosa corrección del manuscrito y por sus consejos y orientaciones, sin los cuales, este trabajo jamás habría visto la luz.

Al Dr. Manuel Uribe Alcocer y al Dr. Francisco, por su apoyo incondicional durante toda la realización de mi trabajo, mi eterno agradecimiento.

Dr. Alberto Abreu Grobois, por su buena disposición, sus acertadas observaciones, críticas inteligentes y palabras de ánimo durante todos estos años.

Dr. José Antonio Cruz Barraza, por su disponibilidad a guiarme y a contribuir con sus conocimientos.

A todos aquellos profesores y académicos que están presentes en diversas formas en el proceso de esta tesis: M. en C. María de los Angeles Herrera Vega.

A Margarita Cordero Ruiz, por ser mi pilar fundamental dentro del instituto.

A los miembros del centro de cómputo al Mat. Germán Ramírez Reséndiz, al Lic. Carlos Suárez Gutiérrez y a la Lic. Herlinda Rojas por su asesoría y apoyo en cuestiones computacionales.

A mis amigos por todos los momentos que pasamos, sin orden en específico: Dulce, Adanary, Diana, Las Ejemplares de Colección, Siu, Las Poisons.

A mis compañeros de maestría, Itzel, Tito, Abarca, Erik, Marcela, Raymon, Marcelita y Joel.

A los WWD quienes aun encontrándose lejos siempre me apoyaron, Dazia, Carlos, Karen y Martín.

A mis compañeros de la Ictiocueva, que más que compañeros se volvieron mi familia, Brigitte, Jana, Víctor, Omar, Yaco, Diego y Melchor.

Al M. en C. Julio Cesar Moran Ventura por el apoyo ofrecido en el análisis estadístico.

A mis primeros pupilos, Daniela, Israel y Eleazar.

Al Dr. Carlos Córdova Fletes, por enseñarme el camino de la genética y ser un excelente mentor.

A mis padres, Octavio y Martha, no hay palabras que puedan expresar el gran orgullo de ser su hija, por apoyarme incondicionalmente siempre en todas mis locuras y proyectos de vida.

A mi hermana, Nayla por ser mi cómplice y mi principal fuente de energía.

Al resto de mi familia, tíos y primos.

Y por último, al fabuloso café colombiano!

“Wonder. Go on and wonder.”
– William Faulkner, *The Sound and the Fury*.

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue comparar la identificación taxonómica las especies pertenecientes a la familia Ariidae en el Pacífico mexicano utilizando metodologías tradicionales con claves basadas en rasgos morfológicos y marcadores moleculares. En México este grupo constituye el componente principal de las capturas de las pesquerías artesanales. Existe algo de ambigüedad en la identificación de algunos miembros de esta familia a pesar de que su monofilia está soportada por evidencia biológica (ciclo reproductivo), morfológica y molecular, por lo que se han empleado numerosos criterios taxonómicos y nomenclaturales para referirse a estas especies. Se utilizaron especímenes representativos de *Bagre panamensis*, *Bagre pinnimaculatus*, *Cathorops liropus*, *Occidentarius platypogon*, *Sciades guatemalensis* y *Sciades seemanni* con algunas de las especies registradas en el Pacífico mexicano ausentes en los muestreos.

La identificación taxonómica se realizó siguiendo las instrucciones de la guía FAO. Utilizando cebadores publicados para los genes Citocromo b, ATP sintasa, 12SrRNA, 16SrNA y COX I se obtuvieron un total de 660 secuencias. Para muchas especies del orden, la identificación a nivel especie mediante la morfología fue problemática, siendo para el género *Sciades* el más confuso. Se comprobó la monofilia de la familia por evidencia morfológica y molecular. Las distancias genéticas y árboles de las relaciones entre especies construidos para las secuencias separadamente y en combinación demostraron congruencia con la identificación clásica pero adicionalmente permitieron resolver clasificaciones problemáticas debido a caracteres merísticos que se traslapaban (número total de branquiespinas, radios aleta anal, abertura branquial) particularmente entre especímenes de la especie *Sciades seemanni* y *Sciades guatemalensis*. De los cinco loci estudiados, el COX I fue el que presentó separaciones entre especies más clara, con distancias genéticas mayores y más constantes entre especie. Por otro lado, el locus ATP sintasa no fue capaz de distinguir consistentemente las dos especies de *Sciades*. Con todos los loci, los géneros y las especies de *Occidentarius*, *Bagre* y *Cathorops* fueron completamente resueltos. Se logró uno de los principales objetivos del trabajo que era el identificar a nivel de especie las muestras de alevines que habían sido imposibles de clasificar debido a la ausencia de claves correspondientes. En los análisis moleculares todos los alevines se agruparon consistentemente junto con la especie *Sciades seemanni*, por lo que se verifica la utilidad de estas herramientas para la identificación taxonómica de especímenes difíciles por caracteres morfológicos diagnósticos ambiguos o ausentes.

ABSTRACT

The objective of this study was to compare the classification of the species within the Ariidae family from the Mexican Pacific using traditional methodologies based on morphological traits and against results using molecular markers. In Mexico this group is one of the most important contributors to artisanal fisheries. There is ambiguity in the identification of some members of this family in spite of the fact that their monophyly is supported by biological (reproductive cycle), morphological and molecular evidence and various taxonomic and nomenclatural criteria have been used to classify these species. Specimens of *Bagre panamensis*, *Bagre pinnimaculatus*, *Cathorops liropus*, *Occidentarius platypogon*, *Sciades guatemalensis* y *Sciades seemanni* were used for this study. Some of the species recorded in the Mexican Pacific that were absent in the sampling. The taxonomic identification was done following FAO fish guides. Using published primers for cytochrome b, ATP synthase, 12SrRNA, 16SrRNA and COX I genes a total of 660 sequences were derived. For many species in this order, identification at species level through morphology was problematic and the most confusing when dealing with *Sciades* genus.

The monophyly of the family was verified using morphological and molecular evidence. The genetic distances and phylogenetic trees constructed for each locus separately and in combination confirmed a congruence with the classical identification but additionally allowed a solution to the problematic classifications where meristic characters overlapped (e.g., total number of gillrakers, anal fin rays, gill opening) particularly for *Sciades seemanni* and *Sciades guatemalensis* specimens. Of the five loci studied, COX I presented clearer species separations, with greater genetic distances and more constant between species. On the other hand, the ATP synthase was not able to consistently distinguish the two species of *Sciades*. With all the loci, the genera and species of *Occidentarius*, *Bagre* and *Cathorops* were completely resolved. One of the main objectives of the work was to identify at species level the fry samples that had been impossible to classify due to the lack of keys. In the molecular analyzes all the fingerlings were grouped consistently together with the species *Sciades seemanni*. Thus, the usefulness for molecular tools for the taxonomic identification of difficult specimens by ambiguous or absent diagnostic morphological characters is corroborated.

CONTENIDO

CONTENIDO DE FIGURAS	x
CONTENIDO DE TABLAS	xii
LISTA DE SÍMBOLOS Y/O NOMENCLATURA	xiii
I. INTRODUCCIÓN	1
1.1 Generalidades de la Familia Ariidae	2
1.2 Taxonomía y sistemática	2
1.2.1 Clasificación sistemática de la familia Ariidae.....	3
1.3 Origen, evolución y características de la familia Ariidae	4
1.3.1. Evidencias fósiles	4
1.4 Diagnósis de la familia Ariidae (Bagres marinos) (Fischer <i>et al.</i> , 1995).....	4
1.5 Diagnósis de las especies de la familia Ariidae (Fischer <i>et al.</i> , 1995).....	6
1.6 Herramientas Moleculares	14
1.6.1. Marcadores moleculares	14
1.6.2 ADN mitocondrial.....	15
1.7 Importancia de la identificación de peces en etapa larval.....	15
II. ANTECEDENTES	177
III. HIPÓTESIS	22
IV. OBJETIVOS	23
4.1 Objetivo General	23
4.2 Objetivos Específicos	23
V. ÁREA DE ESTUDIO	24
VI. MATERIAL Y MÉTODOS	26
6.1 Obtención de Muestras.....	26
6.2 Análisis Morfológico.....	26
6.3 Análisis Molecular.....	26
6.3.1 Extracción de ADN	27
6.3.2 PCR	28
6.3.3 Electroforesis en gel de agarosa.....	30
6.3.4 Purificación	30
6.3.5 Secuenciación.....	30

VII. RESULTADOS	32
7.1 Morfología	33
7.2 Extracción de ADN y Amplificación.....	34
7.3 Análisis de Secuencias	36
7.4 Reconstrucción Filogenética	37
7.4.1 Identificación de Alevines	38
VIII. DISCUSIÓN	46
8.1 Morfología	46
8.2 Análisis de Secuencias y Taxonomía Molecular	48
8.2.1 Identificación de alevines	53
IX. CONCLUSIONES	55
X. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	58

CONTENIDO DE FIGURAS

Figura	Página
1 <i>Bagre panamensis</i> (según Regan, 1908). Tomada de Fischer <i>et al.</i> , 1995.	6
2 <i>Bagre pinnimaculatus</i> (según Steindachner, 1876). Tomada de Fischer <i>et al.</i> , 1995.....	7
3 <i>Cathorops liropus</i> (según Bristol, 1897). Tomada de Fischer <i>et al.</i> , 1995.....	9
4 <i>Occidentarius platypogon</i> (según Günther, 1908). Tomada de Fischer <i>et al.</i> ,	10
5 <i>Sciades guatemalensis</i> (según Regan, 1908). Tomada de Fischer <i>et al.</i> , 1995.....	12
6 <i>Sciades seemanni</i> (según Meek y Hildebrand, 1946). Tomada de Fischer <i>et al.</i> , 1995.	13
7 Regiones biogeográficas del Pacífico mexicano. Tomada de Amezcua-Linares (2009).....	25
8 Extracción de ADN por el método de Cloruro de litio, a partir de muestras de tejido muscular.....	28
9 Reacción en cadena de la polimerasa con marcador mitocondrial <i>12SrRNA</i> . Gel agarosa al 1.5%	30
10 Alevin del género <i>Sciades</i> sp, capturado en el sistema lagunar huizache-Caimanero, Sinaloa.	34
11 Especies y zonas de recolección de ejemplares de la familia Ariidae	35
12 Ejemplo de las diferente intensidades emitidas por un amplicon en una PCR correspondiente a las secuencias parciales del gen <i>12SrRNA</i> de la familia Ariidae en un gel de agarosa al 1.5%. Todos las amplificaciones se compararon con HyperLadder 100bp (BIOLINE)	36
13 Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para <i>12SrRNA</i> . Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el cebador utilizado en el ejemplar	41
14 Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para <i>16SrRNA</i> . Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el cebador utilizado en el ejemplar	42

- 15** Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para *Cyt b*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el cebador utilizado en el ejemplar 43
- 16** Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para *ATP 8/6*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el cebador utilizado en el ejemplar 44
- 17** Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para *COI*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el cebador utilizado en el ejemplar 45
- 18** Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para el concatenado de 5 marcadores mitocondriales *12SrRNA*, *16SrRNA*, *ATPase 8/6*, *Cyt b* y *COI*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el cebador utilizado en el ejemplar 46

CONTENIDO DE TABLAS

Tabla	Página
1	Oligonucleótidos diseñados para amplificar los locus de interés con sus temperaturas de anillamiento..... 28
2	Caracteres distintivos utilizados para la identificación taxonómica mediante las claves dicotómicas de Fischer <i>et al.</i> , (1995) 33
3	Cantidad de muestras obtenidas, amplificadas y secuenciadas por cada locus..... 34
4	Distancias genéticas para “12S”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.....66
5	Distancias genéticas para “16S”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.....67
6	Distancias genéticas para “Cyt B”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.....68
7	Distancias genéticas para “ATP 8/6”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.....69
8	Distancias genéticas para “COI”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.....70

LISTA DE SÍMBOLOS Y/O NOMENCLATURA

μL	Microlitros
ATP	Adenosin trifosfato
Cyt	Citocromo
DNA	Ácido desoxirribonucleico
dNTP	Deoxinucleósido trifosfato
EDTA	Ácido etilendiaminotetraacético
LiCl	Cloruro de Litio
Locus	Posición fija en un cromosoma
MgCl_2	Cloruro de Magnesio
NaCl	Cloruro de Sodio
μl	Microlitros
Pb	Pares de bases
PCR	Reacción en cadena de la polimerasa
Kb	Kilobase (1000 pares de bases de ADN)

I. INTRODUCCIÓN

La familia Ariidae, está conformada por bagres de mar. Se encuentra constituida por 20 géneros que incluyen alrededor de 153 especies, distribuidas en aguas tropicales y subtropicales de todo el mundo. Estos habitan típicamente en aguas marinas de la plataforma continental, lagunas costeras y estuarinas (Yáñez-Arancibia y Lara-Dominguez, 1998). En América Neotropical se estima la existencia de alrededor de 50 especies, de las cuales 20 corresponden a la costa del Pacífico oriental y aproximadamente 30 al Atlántico occidental (Marceniuk y Ferraris, 2003; Betancurt, 2003).

En el Pacífico mexicano se reportan 13 especies (Froese y Pauly, 2005): *Bagre panamensis* (Gill, 1863); *Bagre pinnimaculatus* (Steindachner, 1876); *Cathorops dasycephalus* (Günther, 1864); *Cathorops liropus* (Steindachner, 1876); *Notarius kessleri* (Steindachner, 1876); *Notarius troschelii* (Gill, 1863); *Occidentarius platypogon* (Günther, 1864); *Sciades guatemalensis* (Günther, 1864) y *Sciades seemanni* (Günther, 1864).

La correcta identificación de las especies de la familia Ariidae es indispensable, ya que en la actualidad representa a un grupo de interés en la pesca comercial, debido a su abundancia es de gran importancia en estudios ecológicos, debido a que desempeñan un importante papel en la estructura y función de los ecosistemas costeros de regiones tropicales y subtropicales del mundo (Yáñez-Arancibia y Lara-Dominguez, 1998), sin embargo, a pesar de la importancia tanto biológica como económica, aún persisten problemas nomenclaturales y taxonómicos que han creado confusión en su estudio, por lo que se requiere una revisión detallada que clarifique la identidad de las especies pertenecientes a esta familia. En este contexto, el objetivo del presente trabajo es realizar una revisión taxonómica a nivel morfológico y molecular entre las diferentes especies de bagres marinos identificados en el Pacífico mexicano.

En muchas disciplinas biológicas como es el caso de la ictiología, el principal método de investigación es la comparación, pero ninguna comparación podrá llegar a conclusiones significativas si no se basa en una taxonomía sólida (Mayr, 1998). Los estudios dirigidos al análisis de estas especies así como de muchas otras pertenecientes a esta familia son escasas debido al alto nivel de complejidad que presenta este grupo, ya que sus características diagnosticas son difíciles de diferenciar y en muchas ocasiones poco visibles, por lo que su análisis es complicado.

1.1 Generalidades de la familia Ariidae

Los bagres marinos pueden vivir en aguas marinas, salobres y dulces de regiones tropicales. Las especies del Pacífico centro-oriental varían en longitud desde menos de 28 cm hasta más de 90 cm (Fischer *et al.*, 1995), y son de crecimiento lento (Velasco y Oddone, 2004). La mayoría está confinada a áreas marinas costeras, solo unas pocas se encuentran en aguas dulces de ríos y lagos. Los ejemplares de gran talla a menudo consumen exclusivamente grandes crustáceos y teleósteos. Su periodo reproductivo es muy largo (hasta 4 meses) comparado a otros peces teleósteos (Muro y Amezcua, 2011). Las hembras depositan un reducido número de grandes huevos (hasta 2 cm de diámetro) que, después de la fecundación, son incubados por el macho dentro de la cavidad bucal hasta el momento de la eclosión y reabsorción del saco vitelino. Regularmente su desarrollo juvenil se produce en las bahías y estuarios, seguido por una migración adicional a las zonas costeras en la edad adulta (David y Gerson, 2004). Por tal motivo, están restringidos a la plataforma continental, por lo que constituyen un grupo que es modelo biogeográfico para estudiar la distribución de peces marinos debido a su reducida capacidad de dispersión (Betancur, 2003).

1.2 Taxonomía y sistemática

La sistemática de la familia Ariidae es confusa debido a que existen una gran cantidad de especies que regularmente no constituyen una unidad monofilética y su posición sistemática no será resuelta hasta que se haya completado su estudio en

las diferentes regiones del mundo donde se distribuyen (Fischer *et al.*, 1995). En el Pacífico mexicano este grupo constituye uno de los recursos pesqueros más importantes en las pesquerías artesanales e industriales (CONAPESCA, 2016), sin embargo a pesar de su importancia económica y ecológica se les ha dado poca prioridad de estudio y en las escasas investigaciones que existen, se han empleado numerosos criterios taxonómicos y nomenclaturales para referirse a las mismas especies.

Las dificultades para la identificación se deben en gran parte a sus características morfológicas y merísticas, (por ejemplo, en el caso de *Sciades seemanni* y *Sciades guatemalensis*, el número total de branquiespinas para ambos debe ser un total menor a 15) y a la constante aparición y eliminación de nombres genéricos, debido a la ausencia de claves estandarizadas a nivel mundial para su identificación. Por esta razón es indispensable realizar una revisión taxonómica de estos organismos que permita diferenciar con mayor facilidad y certidumbre entre las diferentes especies del grupo, y así comprender su papel ecológico en los ambientes que habitan, contribuyendo en la mejora de sus planes de manejo y un mejor aprovechamiento del recurso.

1.2.1 Clasificación sistemática de la familia Ariidae

La clasificación de los peces pertenecientes a la familia Ariidae capturados en el Pacífico mexicano se presenta de acuerdo a su jerarquía de grupo, tomando en cuenta las modificaciones recientes de acuerdo a los especialistas. Se considera la clasificación que propone Nelson (2006), la más adecuada para los peces en general, debido a que sintetiza el grado de conocimiento de los diversos grupos taxonómicos.

Reino: Animalia

Phylum: Chordata

Clase: Actinopterygii

Subclase: Neopterygii

División: Teleostei

Superorden: Ostariophysi

Orden: Siluriforme

Familia: Ariidae

1.3 Origen, evolución y características de la familia Ariidae

1.3.1. Evidencias fósiles

El Orden Siluriformes son los Ostariophysi con evidencias paleontológicas más escasas, no existen rastros de este grupo en el Silúrico y sólo pocos fragmentos pueden pertenecer al Devónico inferior (419 - 407 millones de años). Los Otophysi aparecen como una rama temprana de los teleósteos. Los fósiles que representan a la familia Ariidae aparecen en el Eoceno (56 - 34 millones de años) de agua dulce, y en los depósitos costeros del Mioceno (23 – 5 millones de años) y Pleistoceno (2,59 millones de años a 10,000 a.C.). Existen diversos registros fósiles de los Siluriformes que ocurrieron en diferentes períodos geológicos como *Rhineastes* sp del Eoceno a al Oligoceno (33 – 23 millones de años), *Felichthys* sp del Mioceno al reciente (ambos miembros de la familia Ariidae), *Rita bleeker*, *Mystus scopoli*, *Hetarobagrus bleeker* y *Bagrus* sp (Bagridae) del Plioceno (5 – 2.58 millones de años) y Pleistoceno (Romer, 1945). También existen fósiles de una nueva especies de *Arius kutchensis* descrita por Rao (1956) a partir de los estratos del Eoceno en India (Srinivasachar, 1980).

1.4 Diagnósis de la familia Ariidae (Bagres marinos) (Fischer *et al.*, 1995).

Los bagres marinos son peces de tallas que van de 28 cm hasta más de 90 cm, de cuerpo alargado o robusto. Tienen una cabeza cónica a redondeada y achatada; boca terminal a inferior; dientes finos cuneiformes, cónicos y aguzados, o bien, granulares; dientes de las mandíbulas dispuestos en bandas anchas o estrechas; dientes del paladar (cuando presentes) agrupados en pequeñas o grandes placas (que pueden estar reducidas en los machos durante el periodo de incubación). El hueso paraesfenoides también puede llevar dientes. El ojo generalmente libre, raramente cubierto por piel. Los orificios nasales anteriores y posteriores muy juntos a cada lado del hocico, el posterior más o menos cubierto por un pliegue cutáneo; 2, 4 o 6 barbillones en torno a la boca: un par maxilar, uno mandibular (ausente en el género *Bagre*) y uno mentoniano. Membranas branquióstegas adheridas al istmo. Su borde posterior libre o adherido al istmo, por lo cual las aberturas branquiales varían de amplias a restringidas, según la especie; 5 a 7 radios branquióstegos. El dorso de la cabeza está parcialmente cubierto por un escudo óseo bien visible a través de la piel en la mayoría de las especies, escondido bajo un grueso tejido muscular y cutáneo en otras; el escudo puede ser liso, rugoso, estriado o granuloso, y su región posterior (proceso supraoccipital) se extiende posteriormente hasta la placa predorsal (o nugal) en la mayor parte de las especies. A menudo existe un surco dorsal mediano o fontanela entre los orificios nasales y el proceso supraoccipital. Número total de branquiespinas en el primer arco variable de 9 a más de 50; branquiespinas siempre presentes a lo largo del borde posterior del tercer y del cuarto par de arcos branquiales, y en algunos casos, también de los 2 primeros. Aleta dorsal situada por delante del punto medio del cuerpo, con una espina larga y aserrada, precedida por otra muy corta y ancha (a menudo en forma de escudo) y seguida por 7 radios ramificados. Aleta adiposa siempre presente por encima de la anal; aleta anal con 14 a 33 radios; aletas pectorales en posición baja, con una espina larga y aserrada y 8 a 13 radios ramificados; aletas pélvicas sin espina, con 6 radios ramificados, el radio interno a menudo modificado en las hembras sexualmente maduras; aleta caudal profundamente ahorquillada, con 15 radios principales, de los cuales 13 son

ramificados, cuerpo desnudo, con una línea lateral que termina en la base de la aleta caudal, ya sea encorvándose hacia arriba o bifurcándose. La vejiga gaseosa es generalmente ovalada y sacciforme, pero en algunas especies es fuertemente achatada y en otras es dividida en una cámara anterior y otra posterior. Color: 2/3 superiores del cuerpo varían de pardo oscuro o negruzco a café o azul claro, muchas veces con reflejos azulados, verdosos, violetas o cobrizos, raramente con manchas o una franja lateral plateada; parte baja del cuerpo más clara, amarilla, crema, blanca o plateada, frecuentemente con finas puntuaciones pardas. Aletas amarillas-opacas, a menudo con bordes oscuros o manchas en la región proximal, especialmente en la superficie dorsal de las aletas pares. Barbillones variables de marrón oscuro a blanco, peritoneo y cavidad bucofaríngea ocasionalmente oscuros a negros.

1.5 Diagnósis de las especies de la familia Ariidae (Bagres marinos) (Fischer et al., 1995).

***Bagre panamensis* (Gill, 1863)**

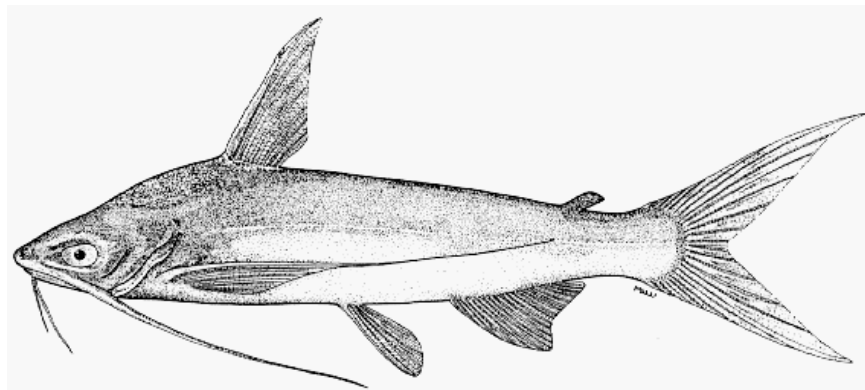


Figura 1. *Bagre panamensis* (según Regan, 1908). Tomada de Fischer et al., 1995.

Sinónimos de *Bagre panamensis*: *Aelurichthys panamensis* (Gill, 1863); *Aelurichthys nuchails* (Günther, 1864); *Felichthys panamensis* (Jordan, 1895); *Ailurichthys panamensis* (Eigenmann y Eigenmann, 1890); *Aelurichthys scutatu* (Regan, 1908); *Anemanotus panamensis* (Fowler, 1944).

Caracteres distintivos: Cuerpo estrechado posteriormente. Perfil predorsal recto y empinado; hocico ancho, achatado; boca arqueada subinferior, alcanzando hasta el nivel de los ojos; labios ausentes, excepto en la comisura bucal. Escudo cefálico liso, esto sobre un proceso supraoccipital angosto o más extenso, cuadrado o foliáceo; surco dorsal mediano estrecho, más profundo posteriormente. Dientes finos y cónicos, los mandibulares dispuestos en una banda angosta, y los del paladar en 4 placas angostas y continuas formando una banda transversal en la parte anterior del paladar. Sólo 2 pares de barbillones (maxiliares y mentonianos), los maxiliares anchos y acintados, alcanzando hasta las aletas pélvicas. Número total de branquiespinas en el primer arco branquial: 5 a 7 + 12 a 14; borde posterior del primer arco sin branquiespinas. Línea lateral bifurcada en la base de la aleta caudal. Base de la aleta adiposa corta; espina de la dorsal sin filamento; aleta anal con 25 a 30 radios; aleta pectoral con 1 espina y 12 a 13 radios, la espina terminada en un filamento aplanado que alcanza el origen de la anal; lóbulos de la caudal largos y delgados.

***Bagre pinnimaculatus* (Steindachner, 1876)**

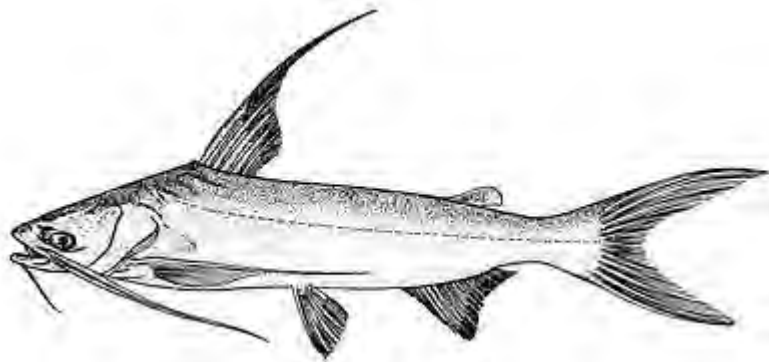


Figura 2. *Bagre pinnimaculatus* (según Steindachner, 1876). Tomada de Fischer *et al.*, 1995.

Sinónimos de *Bagre pinnimaculatus*: *Galeichthys eydouxii* (Velenciennes, 1840); *Aelurichthys pinnimaculatus* (Steindachner, 1876), *Ailurichthys eydouxii* (Sauvage, 1884); *Felichthys pinnimaculatus* (Jordan, 1895).

Caracteres distintivos: Porción anterior del cuerpo de sección redondeada, porción posterior comprimida. Hocico redondeado, boca subterminal y ancha, labios delgados; ojo situado muy delante. Escudo cefálico casi enteramente liso, proceso supraoccipital angosto, sus bordes laterales rectos o cóncavos; surco dorsal mediano ancho y lanceolado, más profundo y estrecho posteriormente. Dientes viliformes, dispuestos en una banda angosta en las mandíbulas y en 4 placas estrechas y continuas a través del paladar. Sólo dos pares de barbillones, los maxilares acintados y alcanzando hasta la mitad de la aleta anal. Número total de branquiespinas en el primer arco branquial: 1 o 2 + 3 o 4; borde posterior de los dos primeros arcos sin branquiespinas. Línea lateral arqueada hacia arriba en la base de la cola. Base de la aleta adiposa larga, situada por encima del punto medio de la anal; espina de la aleta dorsal terminada en un largo filamento que alcanza hasta la aleta caudal; aleta anal con 27 a 32 radios: aletas pectorales con 1 espina y 13 radios, la espina terminada en un largo filamento acintado que alcanza hasta la mitad de la anal; lóbulos de la aleta caudal largos y delgados.

Caracteres particulares entre género *Bagre*:

Dentro de los géneros pertenecientes a esta familia, *Bagre* es el mejor definido. A diferencia de los demás solo cuenta con dos pares de barbillones a comparación de los otros géneros con 3, 4 o 6 barbillones en torno a la boca. Betancur (2009). *Bagre* comparte las mismas características en cuanto a labios, dientes, posición de los ojos, placa predorsal, proceso humeral, superficie dorsal, lóbulos y aleta pectoral. Sin embargo, es muy fácil de distinguirlos por los radios de la aleta anal, *Bagre panamensis* tiene 25-30, *Bagre pinnimaculatus* tiene 27-32, y *Bagre bagre* tiene 29-37.

***Cathorops liropus* (Bristol, 1897)**

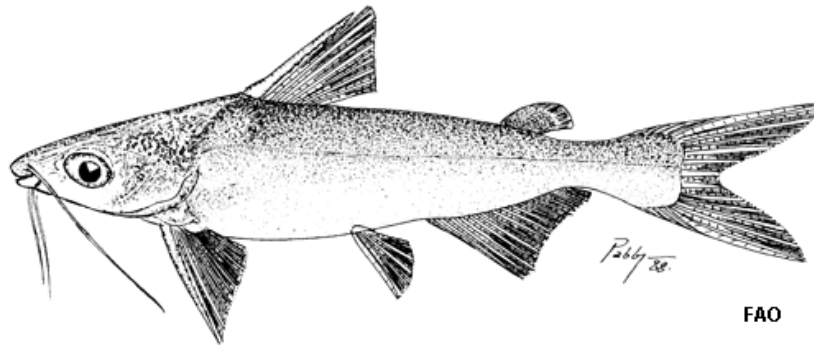


Figura 3. *Cathorops liropus* (según Bristol, 1897). Tomada de Fischer *et al.*, 1995.

Sinónimos de *Cathorops liropus*: *Arius melanopus*, (Jordan y Evermann, 1896); *Cathorops fuerthii* (Steindachner, 1876); *Arius liropus* (Regan, 1907); *Tachisurus liropus* (Gilbert, 1897).

Caracteres distintivos: Cuerpo moderadamente robusto. Cabeza sólo levemente más ancha que alta, estrechándose anteriormente, y comprendida de 3,3 a 3,9 veces en la longitud estándar, hocico angosto, truncado o levemente redondeado; boca pequeña, subterminal y transversal; labios moderadamente carnosos y delgados, crenulados; paladar y arcos branquiales con cojinetes y flecos carnosos poco prominentes; ojo comprendido de 4,6 a 8 veces en la longitud de la cabeza, y de 3 a 4 veces en el espacio interorbitario carnosos. Escudo cefálico fina a moderadamente granuloso, y con crestas que se extienden por encima del ojo y hasta el hocico; ala lateral del etmoides levemente prominente por delante del ojo; proceso supraoccipital corto y triangular, su quilla baja y redondeada, bordes laterales cóncavos o rectos, y el ápice truncado o redondeado; placa predorsal angosta; surco dorsal mediano estrecho, interrumpido, presente en el hocico y por delante del proceso supraoccipital, a veces escondido bajo la piel en, y por delante de, la región interorbitaria. Aberturas branquiales restringidas, las membranas forman pliegues bajos a través del istmo o confluyen en su línea media. Dientes premaxiales finos y agudos dispuestos en una banda continua cuya anchura es 5 a 9 veces mayor que su longitud; dientes mandibulares similares a los premaxiales,

a excepción de la serie interna cuyos dientes son molariformes; dientes vomerinos ausentes; dientes del paladar cónicos y romos, dispuestos en dos placas grandes, subovales, apenas separadas. Los barbillones maxilares alcanzan hasta las aletas pectorales. Número total de branquiespinas en el primer arco branquial: 4 a 7 + 10 a 12; todos los arcos llevan branquiespinas en su borde posterior. Pedúnculo caudal 1,8 a 2,3 veces más largo que alto. Base de la aleta adiposa corta, situada por encima de los 2/3 posteriores de la anal; aleta anal con 19 a 22 radios; aletas pectorales con 1 espina y 10 u 11 radios, borde interno de la espina finamente aserrado; lóbulos de la caudal romos, anchos y cortos.

Caracteres particulares entre género *Cathorops*:

Marceniuk *et al.* (2009). Distingue a *Cathorops liropus* de *Cathorops fuerthii* por la presencia de lóbulos en la aleta caudal, así como la espina dorsal de la aleta dorsal más gruesa a diferencia de *C. manglarensis* y *C. fuerthii*. Y *C. multiradiatus* por poseer 20-23 rayos en la aleta anal vs 25-27 rayos en *C. liropus*.

***Occidentarius platypogon* (Günther, 1864)**

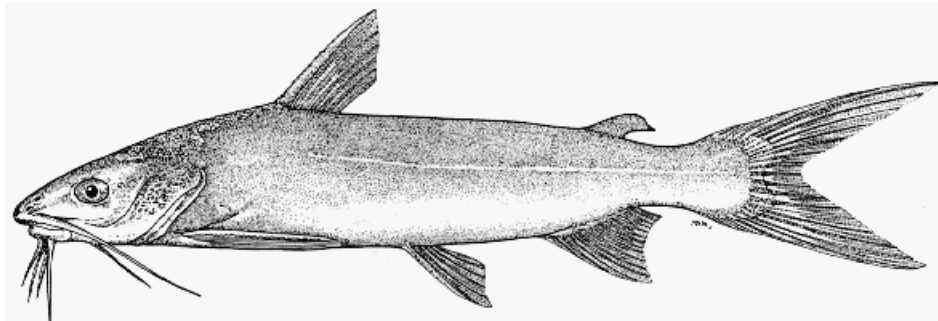


Figura 4. *Occidentarius platypogon* (según Günther, 1908). Tomada de Fischer *et al.*, 1995.

Sinónimos de *Occidentarius platypogon*: *Arius platypogon* (Günther, 1864); *Ariopsis platypogon* (Günther, 1864); *Hexanematichthys platypogon* (Günther, 1864); *Aspistor platypogon* (Günther, 1864); *Sciades platypogon* (Günther, 1864); *Sciades platypogon* (Günther 1864); *Galeichthys platypogon* (Jordan, 1885);

Tachisurus platypogon (Eigenmann y Eigenmann, 1888); *Netuma platypogon* (Jordan, 1895); *Netuma mazatlana* (Gilbert, 1904).

Caracteres distintivos: Una especie relativamente alta y robusta, comprimida en la región caudal. Hocico romo y prominente; boca ancha, de labios gruesos: ojo grande, comprendido de 4,5 a 6,5 veces en la longitud de la cabeza. Escudo cefálico fuertemente granuloso, extendiéndose generalmente por encima del ojo. Proceso supraoccipital largo y triangular, provisto de una fuerte quilla, bordes rectos y ápice truncado; placa predorsal estrecha y semilunar, surco dorsal mediano lanceolado, aplanado anteriormente, y estrecho desde el nivel del ojo hasta el proceso supraoccipital. Dientes de la mandíbula viliformes, los del paladar cónicos y aguzados, dispuestos en 4 placas: placas vomerinas pequeñas, confluyendo con la edad y fusionadas con las placas laterales que son mucho más grande y triangulares, siempre paralelas y extendidas posteriormente sobre el paraesfenoides. Los barbillones maxilares generalmente alcanzan la base de las espinas pectorales. Número total de branquiespinas en el primer arco branquial: 5 o 6 + 9 o 10; borde posterior del primer arco sin branquiespinas. Base de la aleta adiposa mucho menor a subigual que aquella de la dorsal; aleta anal con 18 a 20 radios; aletas pectorales con 1 espina y 10 u 11 radios, la espina rugosa y aplanada, su borde interno finamente aserrado; radios de las aletas pélvicas a menudo estriados.

Caracteres particulares entre género *Occidentarius*:

La identificación de *Occidentarius platypogon* no es complicada, a pesar de que *Occidentarius platypogon* comparte sinonimia con otros géneros (*Sciades platypogon* y *Arius platypogon*), La única característica que se sobrelapa es la cantidad de radios en la aleta anal con el género *Sciades* (17 a 20), aun así es fácil de distinguir este género con las especies de *Sciades* por el tipo de superficie dorsal triangular con fuerte quilla y tener menos de 10 branquiespinas en el primer arco branquial.

***Sciades guatemalensis* (Regan, 1908)**

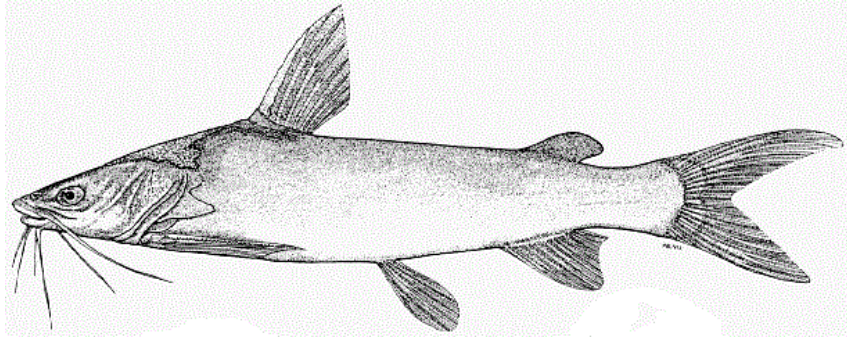


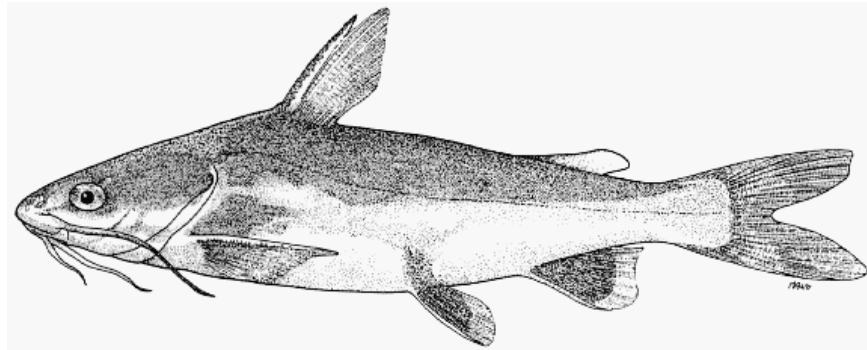
Figura 5. *Sciades guatemalensis* (según Regan, 1908). Tomada de Fischer *et al.*, 1995.

Sinónimos de *Sciades guatemalensis*: *Arius guatemalensis* (Günther, 1864); *Hexanematichthys guatemalensis* (Günther 1864); *Ariopsis guatemalensis* (Günther 1864); *Arius caeruleus* (Günther, 1864); *Tachisurus coeruleus* (Eigenmann y Eigenmann, 1888); *Tachisurus guatemalensis* (Eigenmann y Eigenmann, 1888); *Galeichthys azureus* (Jordan y Williams, 1895); *Galeichthys guatemalensis* (Jordan y Evermann, 1898)

Caracteres distintivos: Cuerpo moderadamente alargado y robusto. Cabeza larga y achatada, su longitud comprendida de 3,2 a 3,8 veces en la longitud estándar; hocico ampliamente redondeado; boca moderadamente amplia subterminal; ojo comprendido de 5 a 9 veces en la longitud de la cabeza, y de 2,5 a 4 veces en el espacio interorbitario carnosos. Escudo cefálico ancho y densamente granuloso, la zona granulosa extendida en forma de dos anchas placas oblongas por encima de los ojos; espacio interorbitario plano; surco dorsal mediano corto, lanceolado, moderadamente profundo posteriormente, muy poco aparente en los adultos, su borde anterior muy por delante del proceso supraoccipital. Este último es de forma triangular, con el ápice truncado, bordes laterales rectos y una quilla mediana baja; placa predorsal estrecha y semilunar. Dientes mandibulares viliformes, los del paladar algo cónicos, dispuestos en 4 grupos: dos placas vomerinas ovales apenas separadas en la línea media y contigua a dos placas laterales ovales alargadas, sólo ligeramente más grandes. Los barbillones maxilares se extienden hasta el borde posterior de la cabeza o el extremo del proceso humeral (juveniles), pero son

bastante más cortos en los adultos. Número total de branquiespinas en el primer arco branquial 6 o 7 + 11 a 14; borde posterior de los 2 primeros arcos sin branquiespinas. Base de la aleta adiposa $\frac{3}{4}$ de aquella de la dorsal y situada por encima del punto medio de la anal; aleta anal con 17 a 20 radios blandos; aletas pectorales con 1 espina y 10 a 11 radios, la espina robusta, su borde interno moderadamente a fuertemente aserrado.

***Sciades seemanni* (Meek y Hildebrand, 1946)**



FigurS. 6. *Sciades seemanni* (según Meek y Hildebrand, 1946). Tomada de Fischer *et al.*, 1995.

Sinónimos de *Sciades seemanni*: *Arius seemanni* (Günther, 1864); *Hexanematichthys seemanni* (Günther, 1864); *Ariopsis seemanni* (Günther, 1864); *Arius assimilis* (Jordan y Gilbert, 1882); *Tachysurus jordani* (Eigenmann y Eigenmann, 1895); *Galeichthys gilberti* (Jordan y Williams, 1895); *Galeichthys seemanni* (Jordan y Evermann, 1900); *Galeichthys eigenmanni* (Gilbert y Starks, 1904); *Galeichthys simonsi* (Starks, 1906); *Hexanematichthys simonsi* (Eigenmann, 1922); *Tachysurus eigenmanni* (Fowler, 1944).

Caracteres distintivos: Cuerpo moderadamente robusto y alargado. Cabeza aguda y achatada, comprendida de 3,3 a 3,8 veces en la longitud estándar, hocico levemente arqueado hacia abajo; boca ancha, subterminal; labios gruesos y crenulados. Ojo grande, comprendido de 4 a 7 veces en la longitud de la cabeza, y 1,6 a 2,8 veces en el espacio interorbitario carnosos. Escudo cefálico cubierto de numerosos gránulos medianos a grandes, extendiéndose hacia adelante en una amplia área triangular a cada lado del espacio interorbitario plano y liso; surco dorsal

mediano ausente anteriormente, estrecho y profundo posteriormente, casi alcanzando el proceso supraoccipital; este último es corto y triangular, con un ápice como levemente redondeado, bordes laterales ligeramente convexos y una quilla mediana bien definida; placa predorsal estrecha y semilunar. Dientes de las mandíbulas y del paladar viliformes, estos últimos dispuestos en 4 placas: las vomerianas ovales, a menudo separadas en la línea media, pero contiguas a las placas laterales notoriamente más grandes y ovales. Los barbillones maxilares no alcanzan el borde posterior de la cabeza (adultos), pero son mucho más largos en los juveniles. Número total de branquiespinas en el primer arco branquial: 5 a 8 + 9 a 15; borde posterior del primer arco sin branquiespinas, el del segundo arco con 0 a 4. Base de la aleta adiposa 2/3 de aquella de la dorsal y situada por encima de los 2/3 posteriores de la anal; aleta anal con 17 a 20 radios; aletas pectorales con 1 espina y 10 a 11 radios, la espina aserrada a lo largo de su borde interno.

Caracteres particulares entre género *Sciades*:

Entre las especies de *Sciades* se comparten una gran cantidad de similitudes, el total de branquiespinas es menor a 15, lo mismo sucede con el número de radios en la aleta anal (17 a 20). Dentro de los caracteres más ambiguos entre *Sciades guatemalensis* y *Sciades seemanni* destacan el color del lóbulo de la aleta, el tipo de aleta pélvica y labios, la abertura branquial y el tipo de placa predorsal y proceso humeral.

1.6 Herramientas Moleculares

1.6.1. Marcadores moleculares

Un marcador molecular es una secuencia de ADN usada para identificar o "marcar" una secuencia particular en algún segmento que se puede utilizar para dar seguimiento al organismo, población o especie que la porta al habilitar su distinción de otros individuos, poblaciones o especies (Okumus y Ciftci, 2003).

1.6.2 ADN mitocondrial

El ADN mitocondrial (ADNmt) se localiza en las mitocondrias y su organización genómica se presenta de manera circular con una doble cadena, la cadena ligera (L) y la cadena pesada (H).

En general el genoma mitocondrial tiene un total de 37 genes de los cuales: 22 genes codifican para 22 ARNt (ARNs de transferencia) y 2 genes que codifican para dos ARNr mitocondriales (ARNs ribosómicos). Entre los que se encuentran los genes 16SrRNA y 12SrRNA, y 13 genes estructurales que codifican subunidades complejos enzimáticos: Siete subunidades del complejo NADH deshidrogenasa, “ND-1, 2, 3, 4, 4L, 5 y 6” (complejo I); una subunidad de la citocromo b, “Cyt b” (complejo III); tres subunidades de la citocromo c oxidasa, “COI, II y III” (complejo IV); dos subunidades (6 y 8) del complejo V, ATP sintasa (Beaumont, 1994).

En el presente estudio se usaron marcadores mitocondriales con el fin de esclarecer los problemas de identificación taxonómica. Esta herramienta ha demostrado ser eficiente para abordar aspectos de sistemática por autores como Heber (2003); Acero (2007); Angulo (2008); Victor (2009); Betancur (2007, 2009, 2010); Lakra (2011); Wing (2011).

Para este estudio, se revisaron especies de bagres reportadas en el Pacífico mexicano, particularmente presentes en los estados de Baja California y Sinaloa.

Los marcadores utilizados en esta investigación fueron el Citocromo C oxidasa (COI), 12SrRNA, 16SrRNA, ATP sintasa 8 y 6 (ATPase 8/6) y Citocromo B (Cyt b). El criterio de selección se realizó en base a los resultados obtenidos previamente en diversos trabajos de Betancur *et al.* (2001); Ward *et al.* (2005); Pegg *et al.* (2006); Betancur *et al.* (2007); Angulo (2008); Betancur (2009); Victor *et al.* (2000); Santos y Quilang (2011); Lakra *et al.* (2011); Oliveira *et al.* (2012); Ko *et al.* (2013).

1.7 Importancia de la identificación de peces en etapa larval

Si ya hay confusiones respecto a la identificación de organismos adultos de este grupo de peces, existe un problema aún mayor para la identificación de larvas y alevines. La correcta identificación en estas etapas del desarrollo ayuda a entender donde se realizan las zonas y temporadas de desove, las posibles rutas

de migración, diagnosticar biomasa de las especies de importancia comercial, inclusive para detectar nichos biológicos que podrían convertirse en zonas prioritarias de conservación. Actualmente, se desconoce si las zonas de reproducción y desove de esta familia han sufrido alteraciones por ambientes naturales o actividades antropogénicas.

Por lo general, la identificación de larvas de los peces se realiza a través de caracteres morfológicos, como la forma del cuerpo, pigmentación, entre otras. Sin embargo, estas características no son suficientes para identificar a las larvas y/o alevines de los bagres marinos, y apenas permiten identificar a nivel familiar, debido a la ausencia de otros caracteres morfológicos distintivos.

Los errores en la identificación pueden tener consecuencias importantes para la evaluación y gestión de la pesquería de estas especies, no habría un seguimiento fiable respecto a los cambios en la abundancia. La incorrecta identificación de larvas y alevines ha dado lugar a un mayor uso de herramientas moleculares para la identificación.

II. ANTECEDENTES

El conocimiento sobre la familia Ariidae es de gran importancia. Muchos trabajos demuestran el gran valor económico que tiene en las pesquerías por ser un recurso de permanente extracción en las costas mexicanas (CONAPESCA, 2014; Gaspar y Hernández, 2013; Parra y Andrade, 2000) ya que gran parte de las especies son la base de la alimentación de muchas comunidades pesqueras. La situación taxonómica de la familia está fundamentada en caracteres externos poco definidos, siendo las relaciones evolutivas y de parentesco entre los géneros y especies poco conocidas. No obstante, su estatus taxonómico ha sido mejor reconocido con la ayuda de herramientas moleculares. Es necesario precisar que los avances científicos sobre esta familia se presentan de manera cronológica, con el fin de desplegar información comparable.

A inicios del siglo XX Weber y Beaufort (1913) dan a conocer un esquema filogenético de 23 especies basados en caracteres merísticos y morfométricos que comprenden la aleta anal, la longitud de cabeza, el diámetro del ojo y las bandas dentarias.

Melchor (1980) menciona en su tesis que la familia Ariidae se diferencia de las otras 30 familias del Orden, por el número de barbas en la región anterior de la cabeza, o por tener la región occipital armada con escudos óseos y granulaciones dérmicas, así como los orificios nasales próximos entre sí, los que contienen válvulas en el par inferior.

A pesar de la escasa información acerca de las relaciones intrafamiliares, la monofilia del grupo parece estar bien respaldada por varias sinapomorfias discutidas por Tilak (1965), Kailola (1991) y De Pinna (1993), como la incubación oral de los huevos y alevinos por parte del macho, agrandamiento del otolito y adaptación a los ambientes marinos y estuarinos, entre otras.

Betancur (2003) afirma la existencia de al menos 150 especies de la familia Ariidae. Por esta razón, la taxonomía de los Ariidae no ha sido del todo clara en la definición de géneros y especies. A la par, Betancur (2004) en otro trabajo plantea la existencia de dos linajes en la familia Ariidae: propuso *Ariinae* y *Galeichthynae* como nuevas subfamilias. De acuerdo con los árboles obtenidos por máxima parsimonia utilizando ADN mitocondrial, ADN nuclear e información morfológica, las especies del género *Cathorops* se encuentran aisladas del género *Ariopsis*, así como *Bagre* se localiza separado de estos dos géneros, pero está más próximo a *Ariopsis*. Aunque Betancur (2003) encontró discrepancias entre los datos moleculares y morfológicos del género *Cathorops*, éstos podían implicar una convergencia morfológica, por lo que esta hipótesis ha sido probada y se ha corroborado la monofilia de la familia y validado los géneros *Ariopsis*, *Bagre*, *Cathorops* y *Galeichthys*.

Betancur y colaboradores (2004) encuentran diferencias de la cintura escapular en el género *Cathorops*, siendo más contrastante que en *Ariopsis*, y obteniendo un menor número de dientes molariformes en el paladar de *Cathorops* en los machos a comparación de las hembras. Acero *et al.* (2005) encontraron diferencias entre los géneros *Ariopsis* y *Cathorops* con respecto al desarrollo de las aletas pélvicas en las hembras de *Ariopsis* encontrando que éstas eran de mayor tamaño, mientras que en *Cathorops* el dimorfismo en las estructuras pélvicas, incluso en peces adultos, es menor. Morfológicamente la reproducción en los áridos implica un mayor desarrollo de las aletas pélvicas en las hembras para sostener la masa de embriones en el momento del desove y para la incubación. Una cintura menos fuerte y rígida puede ser de importancia en los machos para facilitar la expansión de la cavidad buco-faríngea para la incubación oral, y un menor desarrollo de los dientes faríngeos puede ser ventajoso para evitar daños y maltrato de los huevos y larvas.

Los resultados de Acero *et al.* (2005), empleando análisis de morfometría geométrica soportaron la existencia de diferencias estadísticamente significativas

entre las especies estudiadas corroborando que las especies *Ariopsis seemanni* y *Arius platypogon* se encuentran en posición opuesta a las especies de *Bagre*. Otra característica que parece apoyar esta hipótesis es la evolución del número de elementos de la aleta anal. Este último ha aumentado en la misma dirección a la evolución dentro del género *Bagre*. Por lo tanto, *Bagre marinus*, se considera la especie más basal, tiene 22-28 radios de la aleta anal, *Bagre panamensis* tiene 25-30, *Bagre pinnimaculatus* tiene 27-32, y *Bagre bagre* tiene 29-37.

Marceniuk *et al.* (2009) señalan que aunque la validez de los estados de *Cathorops dasycephalus*, *Cathorops hypophthalmus*, *Cathorops manglarensis*, *Cathorops multiradiatus* y *Cathorops tuyra* no se han discutido en trabajos recientes, hay una gran incertidumbre con respecto a la validación y delimitación de las especies nominales *Arius festae*, *Arius fuerthii* (conocido como *Cathorops liropus*) y *Arius taylori*.

Chávez (2011) en su tesis de licenciatura propone 24 variables morfométricas que comprenden longitudes y altura de ojos, boca, aletas, opérculo, cabeza y ano para la identificación de *Sciades guatemalensis*. Kritsky *et al.* (2009) mencionan que aunque hay ausencia de análisis filogenéticos de las especies *Sciades seemanni* y *Sciades guatemalensis* la morfometría de éstas revela que son taxones hermanos.

Sin embargo, dentro de los caracteres más ambiguos destacan el número total de branquiespinas en el primer arco branquial, como lo es con *Sciades seemanni* y *Sciades guatemalensis*, para ambos deben ser un total menor a 15. La forma de los paladares dentarios cambian mucho de tamaño y forma conforme se desarrollan; en el caso de *Cathorops liropus* el total de radios de la aleta anal oscila entre 18 y 20, similar al género *Sciades* entre 17 y 20 (Tabla 1).

Por lo que se refiere a aspectos de distribución, Taylor y Menezes (1978); Kailola y Bussing (1995); Kobelkowsky y Castillo-Rivera (1995) y Castro-Aguirre *et*

al. (1999) proponen la separación de los bagres del género *Ariopsis* (Gill, 1861) de los del grupo *Arius* (Valenciennes, 1840), basados en la distribución geográfica. Dicha hipótesis estipula que el género *Ariopsis* se encuentra al norte del Ecuador, mientras que el género *Arius* se encuentra en el hemisferio sur.

Los estudios sistemáticos y biogeográficos dentro de la familia son escasos. Higuchi (1982) realizó una revisión osteológica de cinco especies de bagres marinos de Brasil ubicándolos en tres grupos morfológicos, sin implicaciones nomenclaturales.

Según Marceniuk (2007), la amplia distribución geográfica de la familia Ariidae, la similitud en la morfología externa de las especies y la ausencia de ejemplares en museos, son los problemas principales para la identificación de especies y taxones monofiléticos.

Recientemente los esfuerzos para inventariar y describir especies de la familia Ariidae en el mundo se han incrementado, Mejía *et al.* (2002). Algunos estudios taxonómicos moleculares realizados con representantes de la familia Ariidae en el mundo, han tomado como base ADN mitocondrial y ADN nuclear.

Los trabajos más recientes se han sustentado en características anatómicas y moleculares; Diogo (2005) y Sullivan *et al.* (2006), y sugieren que la familia Ariidae es el grupo hermano de la familia Anchariidae.

Betancur y colaboradores (2007) proponen una hipótesis filogenética de 55 caracteres morfológicos, similar al trabajo de Kailola (2004).

Las dificultades con las identificaciones morfológicas de huevos, alevines y juveniles de peces han originado un mayor impacto en el uso de herramientas moleculares para la identificación, como lo fue con Hyde *et al.* (2005); Karaiskou *et al.* (2007); Carreon-Martinez *et al.* (2010); Lelièvre *et al.* (2010), como el manejo de AFLP por Zhang *et al.* (2003) y código de barras por Pegg *et al.* (2006); Victor *et al.*

(2009); Gleason y Burton (2011); Ko *et al.* (2013). Por lo tanto, cuando se utiliza información de huevos de peces para determinar los patrones espaciales y temporales de desove, y la biomasa de las especies de importancia comercial, los errores en la identificación pueden tener consecuencias monetarias importantes (Fox *et al.*, 2005; Pérez *et al.*, 2005).

III. HIPÓTESIS

Con los estudios realizados previamente sobre sistemática y molecular de esta familia, se espera que las secuencias de los *loci* por estudiar correspondientes a cada una de las especies de la familia Ariidae identificadas en el Pacífico mexicano presenten un patrón distintivo para cada especie pero retengan un nivel de similitudes, similitudes entre ellas que las caracterice como miembros de la familia Ariidae y las distinga de taxones externos.

Las diferencias observables con marcadores moleculares permiten una mejor resolución o una resolución objetiva y robusta para diferencias taxonómicas entre especies de la familia. Se espera que los estudios genéticos (marcadores moleculares) que se realicen ayuden a identificar las especies en cualquier etapa de su ciclo de vida, especialmente en la etapa juvenil (alevines).

IV. OBJETIVOS

4.1 Objetivo General

Realizar una revisión taxonómica de las especies pertenecientes a la familia Ariidae en el Pacífico mexicano con base en marcadores moleculares y en la revisión de organismos en etapas larvales y adultas.

4.2 Objetivos Específicos

1.- Evaluar la capacidad de *loci* mitocondriales para la identificación sistemática de las especies de la familia Ariidae del Pacífico mexicano.

2.- Realizar una clasificación taxonómica de las muestras a partir de la metodología tradicional con el uso de claves y compararla con aquella derivada del estudio molecular.

3.- Determinar la capacidad de identificación por medios moleculares de las muestras de bagres en la etapa juvenil y adulta, contrastar sus ventajas sobre métodos tradicionales.

V. ÁREA DE ESTUDIO

México se encuentra entre las coordenadas 32° y 14° norte y 86° y 118° oeste. El país cubre una superficie total cercana a los 2 millones de km². Tiene 11,122 km de litorales continentales, de los cuales 8,475 km pertenecen al Océano Pacífico (INEGI, México en el mundo, 2010).

La posición geográfica de México lo ubica entre dos grandes regiones climáticas, en donde confluyen corrientes marinas cálidas y frías. Esto permite el intercambio entre elementos de origen boreal y tropical que dan como resultado una gran variedad de climas y ecosistemas. Destacan los complejos lagunares, playas, dunas, bahías, manglares, marismas, salitrales, humedales, praderas de pastos marinos, arrecifes coralinos y lagunas costeras (INE, Geo México, 2004).

Existen tres provincias principales conforme con la distribución de las especies, esencialmente las que prefieren fondo rocoso (Figura 7) En el Pacífico norte la Provincia Californiana y el Golfo de California, es decir la Provincia de Cortés, que abarca el extremo sur de la Península y la mayor parte del Golfo hasta Topolobampo, Sinaloa. Ésta tiene alto endemismo y se caracteriza por un ambiente complejo con temperaturas generalmente más altas en el continente y altos rangos de marea; al sur termina con la Brecha de Sinaloa, que es una franja amplia de 370 km de longitud sobre la plataforma continental a partir de Topolobampo hasta Mazatlán, Sinaloa, integrada con fondo de arena y fango. La provincia mexicana se extiende hacia el sur por todo el litoral continental hasta el margen del Golfo de Tehuantepec en el sureste, cerca de Salina Cruz, Oaxaca; seguido por la Brecha Centroamericana, que es una larga extensión entre Tehuantepec y el Golfo de Fonseca, Honduras, con sedimento de arena y fango, abundantes manglares y carente de zonas rocosas (Amezcuca Linares, 2009).



Figura 7. Regiones biogeográficas del Pacífico mexicano. Tomada de Amezcua Linares, F. (2009).

VI. MATERIAL Y MÉTODOS

6.1 Obtención de Muestras

El material empleado en éste estudio se obtuvo durante el período comprendido entre agosto 2012 y agosto 2013 (Figura 7) mediante recolectas hechas con la ayuda de pescadores artesanales. Se obtuvieron 103 ejemplares provenientes de los estados de Baja California y Sinaloa con la siguiente distribución,

- Cinco ejemplares en Isla cedros, Baja California,
- Trece ejemplares en Roca abnegada, Sinaloa,
- Treintaiuno ejemplares en Teacapán, Sinaloa,
- Veinticinco ejemplares en Chametla, Sinaloa,
- Diecisiete ejemplares en Celestino, Sinaloa,
- Doce ejemplares en Huizache – Caimanero, Sinaloa.

Dichos ejemplares se etiquetaron de manera numérica del 1 al 103. Las artes de pesca utilizados en Sinaloa para la obtención de este material fueron redes agalleras, de arrastre, atarrayas y palangres, mientras que en Baja California se obtuvieron de buques camareros que operan en la costa del Pacífico mexicano.

La determinación de los especímenes fue hecha con métodos convencionales, empleando literatura básica, siguiendo las instrucciones de la guía FAO, formuladas por Fischer *et al.* (1995). Para posteriormente ser congelados.

6.2 Análisis Morfológico

Para la identificación de los alevines solo se consideraron características fácilmente observables a simple vista, como lo fueron, la forma de la cabeza y cuerpo; así como su espina dorsal. Por tal motivo, solo se identificaron a nivel familiar (Ariidae). Esto, debido a que no existen claves o técnicas para la identificación morfológica de la familia Ariidae. La identificación de los ejemplares

adultos se llevó a cabo siguiendo las claves de la Guía FAO. (Fischer *et al.*, 1995). De dichas claves se consideraron sólo diecisiete caracteres distintivos (Tabla 1).

6.3 Análisis Molecular

Se secuenciaron muestras de ejemplares pertenecientes a las especies: *Bagre panamensis*, *Bagre pinnimaculatus*, *Cathorops liropus*, *Occidentarius platypogon*, *Sciades guatemalensis* y *Sciades seemanni*, especies de ariidos del Pacífico mexicano (Froese y Pauly, 2005). Posterior a la obtención de especímenes, se identificaron para luego obtener una muestra de músculo, y preservarlo en buffer DMSO (Amos y Hoelzel, 1991).

Para este análisis se amplificaron los *loci* especificados a continuación, por medio de la reacción en cada de la polimerasa (PCR).

- Citocromo b,
- ATP sinteasa,
- 12SrRNA,
- 16SrNA,
- COI.

El diseño de primers para las amplificaciones de los primeros cuatro *loci* fue basado en *Betancur et al.*, (2007), y de Santos y Quilang (2011) el último.

6.3.1 Extracción de ADN

El ADN se extrajo de los músculos con la técnica estándar de cloruro de litio (LiCl) siguiendo la metodología de Gemmell y Akiyama (1996). A la muestra de tejido obtenida se le agregó una solución buffer o tampón de extracción, en presencia de agentes quelantes y de altas concentraciones de NaCl. Los agentes quelantes (como el EDTA) se emplearon para proteger el ADN de la acción de enzimas nucleasas. Las altas concentraciones de NaCl se utilizaron para evitar la contaminación de la muestra con polisacáridos que afectaran la pureza del ADN, que puedan inhibir la actividad de algunas enzimas como polimerasas, ligasas y endonucleasas de restricción. La base para la separación de los polisacáridos de los ácidos nucleicos fue su solubilidad diferencial en presencia de las altas

concentraciones de NaCl, los polisacáridos se precipitaron bajo la acción de fuerzas centrifugas. Una vez concluido este paso, se llevó a cabo la precipitación del ADN con alcohol isoamílico y sal a altas concentraciones LiCl. La precipitación del ADN fue casi inmediata en presencia de la sal y el alcohol, sin embargo se incubó la muestra durante 30 minutos a -80°C o durante 45 minutos a -20°C. Posteriormente, se centrifugó la muestra, se removió la fase acuosa y se lavó la pastilla de ADN con etanol al 70% para eliminar todas las sales que permanecieran en la solución. Las muestras se volvieron a centrifugar para eliminar el etanol y se dejó secar el ADN a temperatura ambiente para eliminar trazas de alcohol.

La calidad de ADN extraído mediante el método de LiCl (Gemmell y Akiyama, 1996) se presenta en la figura 8.

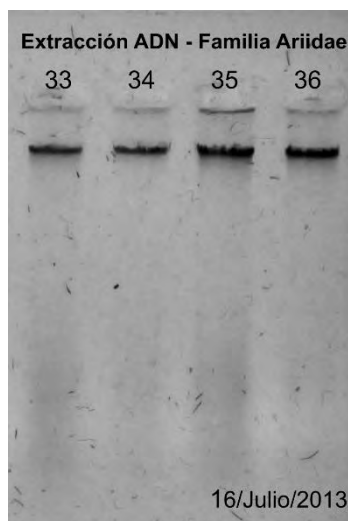


Figura 8. Extracción de ADN en tejido muscular, obtenido por el método de Cloruro de litio. Gel agarosa al 1.5%.

6.3.2 PCR

Para amplificar las secuencias parciales de los genes, se utilizaron los siguientes cebadores presentes en la Tabla 1.

Tabla 1. Oligonucleótidos diseñados para amplificar los *loci* de interés con sus temperaturas de alineamiento.

Locus	Marcador	Secuencia (5'->3')	TM (°C)	Rango de tamaño (pb)
Cyt B	Glu-2 Pro-R1	AACCACCGTTGTTATTCAACTA TAGTTTAGTTTAGAATTCTGGCTTTGG	52	905 pb
ATP 8/6	L8331 H9236	AAAGCRTYRGCCTTTTAAGC GTTAGTGGTCAKGGGCTTGGRTC	53	760 pb
12s	12Sa 12b	AAACTGGGATTAGATACCCCACTAT GAGGGTGACGGGCGGTGTGT	52	333 pb
16s	16Sar1 16sBr	CCCGCCTGTTTATCAAAAACAT CCGGTCTGAACTCAGATCACGT	52	502 pb
COI	FishCOI-F1 FischCOI-R2	TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA	53	570 pb

El ADN fue amplificado en un termociclador eppendorf (AG 22331) usando las diferentes combinaciones de cebadores en reacciones de 25 µl, las cuales consistían de 2.5 µl de buffer Tris-HCl a 10 mM, 2 µl de MgCl₂ a 10 mM, 1.3 µl de cada cebador a 10 µM, 2.5 µl a 2 mM de cada dNTP, 13.25 µl de ddH₂O, 0.2 µl de Amplitaq polimerasa (BIOLINE) y 2 µl de la solución de ADN. Las condiciones de amplificación fueron una fase inicial de desnaturalización a 94°C por 120-180 s, 30 ciclos de 94°C for 30-45 s, alineamiento por 30-45 s a 52°C para Cyt *b*, a 53- 58°C para ATPase 8/6 y COI, a 52°C para los fragmentos de 12SrRNA y 16SrRNA, la extensión se efectuó a 72°C por 60s con una fase final de 300 s a esa misma temperatura.

6.3.3 Electroforesis en gel de agarosa

Los productos de PCR fueron separados por electroforesis en geles de agarosa de bajo punto de fusión al 1.5%, usando el buffer Tris-acetato (pH 7.8) con 1 mg/ml de bromuro de etidio. El tiempo de corrida fue de 90V y el producto de amplificación único fue visualizado con irradiación con luz ultravioleta en un transiluminador (UVP, TS-20E). Todos los patrones de bandeo se capturaron con cámara digital (Canon, G10), mientras que la estimación del tamaño de bandas fueron comparados con Ladder de 100bp (HyperLadder – BIOLINE).

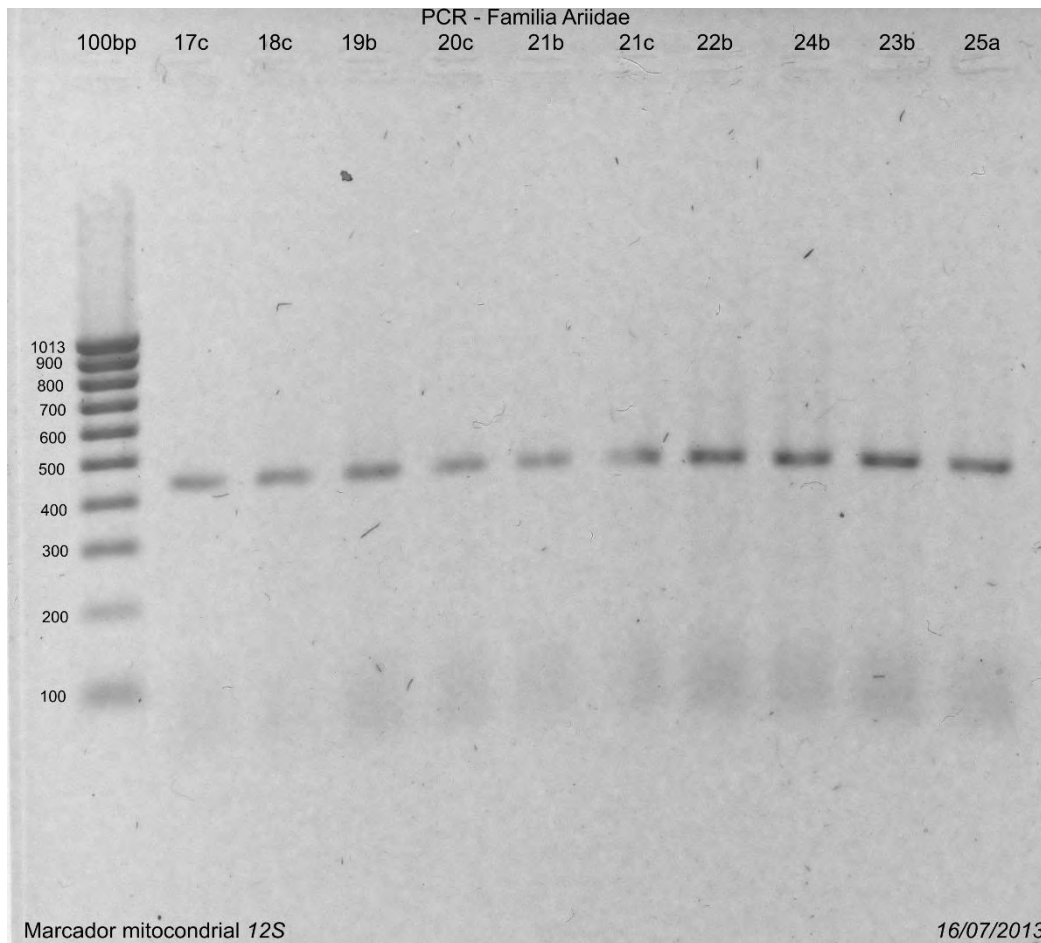


Figura 9. Reacción en cadena de la polimerasa con marcador mitocondrial *12SrRNA*. Gel agarosa al 1.5 %

6.3.4 Purificación

La purificación y concentración de ADN se llevó a cabo por medio de precipitación con PEG de Schmitz y Riesner (2006). Los productos de PCR se incubaron con PEG (2.5 M NaCl, PolyEthylene Glycol 8000, dH₂O) posteriormente se realizaron dos lavados con EtOH al 80% con ella objetivo de eliminar residuos. Finalmente se disolvieron los productos de PCR en TLE (10mM Tris, 0.1 mM EDTA) y fueron observados en un gel de agarosa al 1.5%.

6.3.5 Secuenciación

El servicio de secuenciación se llevó a cabo por MACROGEN Inc. de Seúl, Corea, obteniendo secuencias.

Tanto en dirección delantera como reverso, obteniendo un total de 660 secuencias. Las secuencias crudas fueron analizadas con el programa BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) de NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>), verificando su identidad con las especies más relacionadas.

El grupo externo *Amblydoras gonzalezi*, se seleccionó por ser una especie del mismo Orden (Siluriformes) de la familia Ariidae, aunque de distinta a esta (Doradidae), con un genoma secuenciado completamente (NCBI: NC_015745.1).

Las secuencias fueron editadas utilizando Geneious. La alineación múltiple de las secuencias de los nucleótidos fue realizada por separado para cada locus mediante el programa CLUSTAL W.. Y el análisis de las secuencias y dendogramas fue desarrollado con el software MEGA 5.01.

El modelo evolutivo seleccionado para las secuencias parciales de los 5 *loci* fue el de K2P (Kimura 2 parámetros, con una distribución gamma de la tasa de mutación a lo largo de la secuencia). Las secuencias fueron analizadas con el programa MEGA 5.01. Dicho modelo se seleccionó en función del análisis previo “Find Best DNA/Protein Models (ML)” que ofrece el programa MEGA 5.01 para el análisis de secuencias.

Posteriormente se eligió el tipo de análisis, donde los gaps se tomaron como datos perdidos. La reconstrucción de los árboles mediante los métodos de Neighbour Joining: NJ (“vecino más cercano”), consistentes en la construcción de una matriz de distancias, que indica la distancia entre cada par de taxones agrupados en un árbol fenético (fenograma); y UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), que de manera similar construye un árbol por un método de agrupamiento secuencial dada una matriz de distancia.

Del mismo modo, para la comparación de secuencias, las distancias genéticas se cuantificaron teniendo en consideración el parámetro de Kimura 2 parámetros usando MEGA, versión 5.01

VII. RESULTADOS

7.1 Identificación por medio de morfología

En este estudio se estimaron diecisiete caracteres morfológicos que ayudaron a obtener una previa identificación (Tabla 1):

- 1.- Número de barbillones
- 2.- Tipo de superficie dorsal
- 3.- Forma del proceso humeral
- 4.- Placa predorsal
- 5.- Abertura branquial
- 6.- Total de branquiespinas en el primer arco branquial
- 7.- Tipo de labios
- 8.- Forma del paladar
- 9.- Forma de la mandíbula
- 10.- Posición del ojo
- 11.- Tamaño del ojo
- 12.- Radios de la aleta anal
- 13.- Lóbulo aleta anal
- 14.- Lóbulo aleta caudal
- 15.- Espina de aleta pectoral
- 16.- Aleta pélvica
- 17.- Espina de la aleta dorsal

Se tomaron en cuenta siete caracteres como imprecisos para realizar una identificación adecuada: total de branquiespinas en el primer arco branquial, labios, paladares dentarios, tamaño del ojo, radios aleta anal, pigmentación, apertura branquial. A pesar de que se consideraron diecisiete caracteres de la guía FAO, Fischer *et al.* (1995), los más importantes fueron el número de radios en la aleta anal, número de branquiespinas en el primer arco branquial y la forma de los paladares. Las medidas cuantitativas se realizaron con regla (mm).

Tabla 2. Diecisiete caracteres distintivos utilizados para la identificación taxonómica, tomados de guía FAO (Fischer *et al.*, 1995). *Símbolo (-) se consideró como carácter no necesario para su identificación.

		<i>Bagre Panamensis</i>	<i>Bagre pinnimaculatus</i>	<i>Cathorops liropus</i>	<i>Occidentarius platypogon</i>	<i>Sciades guatemalensis</i>	<i>Sciades seemanni</i>	
Carácter	Barbillones	Pares	2	2	3	3	3	
	Cabeza	Superficie dorsal	-	-	Granulosa, rugosa	Triangular con fuerte quilla	Granulosa, rugosa	Granulosa, rugosa
		Proceso humeral	-	-	Alargado o triangular	Alargado o triangular	Alargado o triangular	Alargado o triangular
		Placa predorsal	-	-	-	Semilunar y estrecha	Semilunar y estrecha	Semilunar y estrecha
		Abertura branquial	-	-	Restringida	Amplia	Amplia	Amplia
		Total de branquiespinas (1er arco branquial)	17 a 20	4 a 6	Menos de 35	Menos de 10	Menos de 15	Menos de 15
	Boca	Labios	-	-	Carnosos pero no gruesos	Gruesos	Carnosos pero no gruesos	Carnosos pero no gruesos
		Dientes - Paladar	Figura 1	Figura 2	Figura 3	Figura 4	Figura 5	Figura 6
		Dientes - mandibular	Figura 1	Figura 2	Figura 3	Figura 4	Figura 5	Figura 6
	Ojo	Posición ojo	-	-	Nivel de la boca	Nivel de la boca	Nivel de la boca	Nivel de la boca
		Tamaño ojo	-	-	Pequeño (diámetro de 1,6 a 2,8 veces en el espacio interorbitario carnosos)	Grande (4,5 a 6,5 veces la longitud de la cabeza)	Grande (5 a 9 veces la longitud de la cabeza)	Grande (diámetro de 2,5 a 4 veces en el espacio interorbitario carnosos)
	Aletas	Radios aleta anal	25 - 30	27 - 32	Menos de 23	18 a 20	17 a 20	17 a 20
		Lóbulo aleta anal	Uniformemente opaca	-	-	Borde blanco	-	-
		Lóbulo aleta caudal	-	-	Redondo	A menudo negro	A menudo negro	A menudo negro
		Espina aleta pectoral	-	-	Finamente aserrado	Rugosa y aplanada	Robusta	Aserrada
		Aleta pélvica	-	-	Uniformemente oscura o sin pigmento	Radios a menudo estriados	Manchas negras o marrón oscuras	Manchas negras o marrón oscuras
		Espina aleta dorsal	Sin filamento	Largo filamento	-	-	-	-

7.2 Extracción de ADN y Amplificación

Se colectó un total de 103 muestras: 95 adultos y 8 alevines no mayor a 6 cm de longitud total (Figura 10). Se extrajo ADN del tejido muscular a 66 ejemplares: 58 adultos y 8 alevines, sólo el 43% del material proveniente de especímenes de adultos fue seleccionado para ser amplificados, el 57% no se utilizó, debido a que el material estaba contaminado o el material no era de la calidad deseada; y se utilizó el 100% de los alevines para ser analizados por PCR.

Tabla 3. Cantidad de muestras obtenidas, amplificadas y secuenciadas por cada locus

Especie	Colectados	Extracción ADN	Amplificación y Secuenciación									
			12SrNA		16srRNA		ATP sintasa 8/6		Cyt b		COX 1	
			12Sa	12b	16Sar1	16Sbr	L8331	H9236	Glu-2	Pro-R1	FishCOIF1	FishCOIR2
Alevin	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8
<i>Bagre Panamensis</i>	24	14	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
<i>Bagre Pinimaculatus</i>	4	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
<i>Cathorops liropus</i>	22	13	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6
<i>Occidentrius platypogon</i>	7	6	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
<i>Sciades guatemalensis</i>	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
<i>Sciades seemanni</i>	36	19	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
Total	103	66	33	33	33	33	33	33	33	33	33	33



Figura 10. Alevin del género *Sciades*, colectado en el sistema lagunar huizache-Caimanero, Sinaloa.

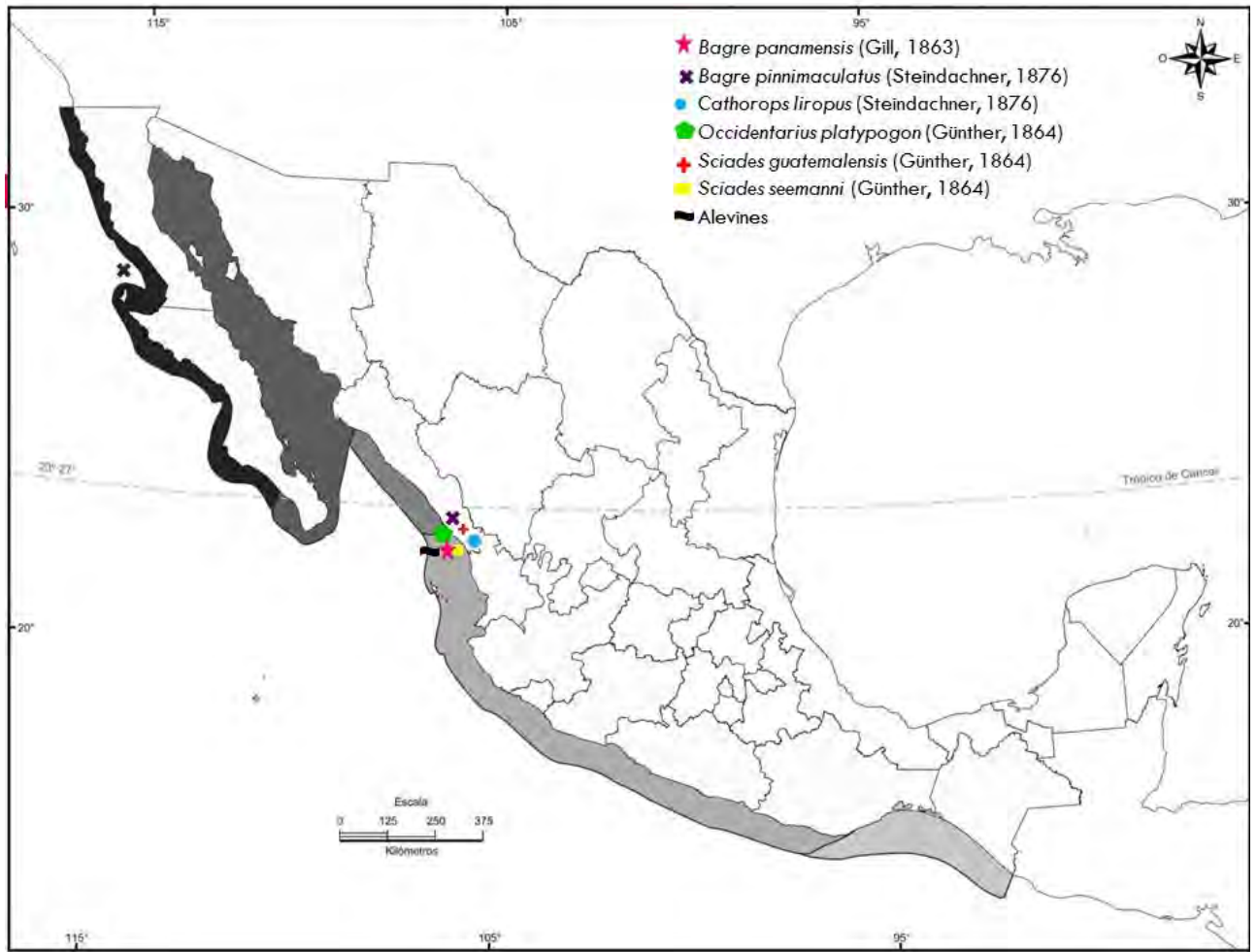


Figura 11. Especies y zonas de recolección de ejemplares de la familia Ariidae.

Se realizaron un total de 175 reacciones de PCR. La identidad de los *loci* amplificados se evaluó al comparar los tamaños (pares de bases) relativos de los amplicones observados, con los de la literatura. Por otro lado, se realizaron gradientes de temperatura para la obtención de temperaturas óptimas de anillamiento (Tabla 3). Cuando la intensidad de algún amplicon se consideró tenue, su amplificación se optimizó modificando las concentraciones de $MgCl_2$ (Figura 12). La región mitocondrial de los 5 *loci* (12SrRNA, 16SrRNA, ATPase 8/6, Cyt b y COI) de todas las muestras fue amplificada exitosamente.

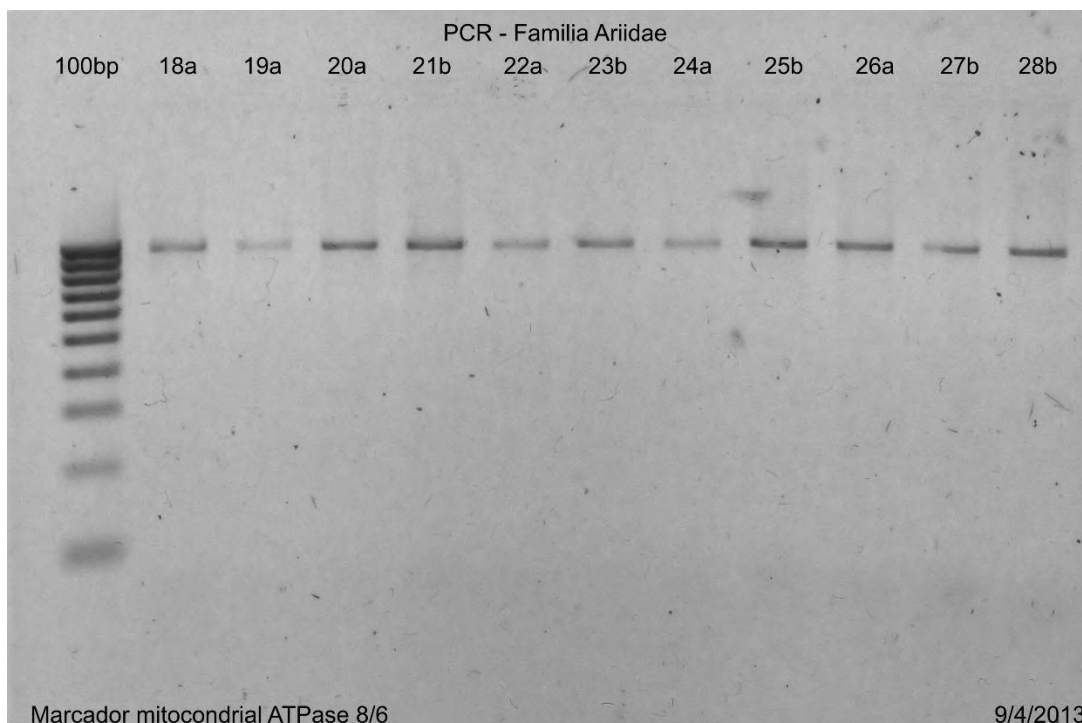


Figura 12. Ejemplo de las diferente intensidades emitidas por un amplicon en una PCR correspondiente a las secuencias parciales del gen *12SrRNA* de la familia Ariidae en un gel de agarosa al 1.5%. Todos las amplificaciones se compararon con HyperLadder 100bp (BIOLINE).

7.3 Análisis de Secuencias

Todas las secuencias delanteras crudas mostraron una calidad >70%. Sin embargo, los reversos de ATPase 8/6 y COI presentaron una calidad <35%. Posteriormente las secuencias y los cromatogramas fueron revisados visualmente en Geneious 4.8.5.

Se obtuvo un total de 333 pb para *12SrRNA*, 502 pb para *16SrRNA*, 760 pb para ATP sintasa 8 y 6 (ATPase 8/6), 570 pb para citocromo c oxidasa (COI); y para citocromo b (Cyt b) 905 pb. Cabe destacar que para ninguna región génica se mostró ambigüedad en las alineaciones (Tabla 3).

Asimismo, para la comparación de las secuencias, se obtuvieron distancias nucleotídicas (Tabla 9) por cada género y para cada locus. Cuantificación basada

en el modelo de Kimura 2-parámetros (K2P) utilizado la versión de MEGA 5.01. El marcador que mostró menor distancia genética fue el marcador mitocondrial 12SrRNA (0.01%) y el de mayor fue COI (54%).

7.4 Reconstrucción Filogenética

La reconstrucción de árboles mediante Neighbour Joining y Unweighted Pair Group generaron topologías muy similares. Ambos métodos formaron dos clados bien diferenciados (género *Bagre* separado del resto) que coinciden con la identificación preliminar por caracteres morfológicos, por tal motivo se decidió trabajar con NJ. Los valores de bootstrap fueron basados en el análisis de 1000 pseudoreplicaciones y se calcularon con MEGA 5.01.

Los valores de bootstrapp obtenidos para los principales clados (*Bagre*, *Cathorops*, *Sciades* y *Occidentarius*) se encuentran entre 84 y 100%. No obstante, *Sciades* fue el de menor soporte con valores que fluctuaron entre 64 y 79%. Estos resultados confirman la monofilia de *Bagre*, *Cathorops*, *Sciades* y *Occidentarius*.

Occidentarius formó un nodo claramente separado de los demás géneros a pesar de que solo está reconocida una especie para este grupo, *Occidentarius platypogon*, con una diferenciación asociada a valores de bootstrap por arriba del 99% para COI, Cyt b, ATPase 8/6 y 16SrRNA.

Los especímenes del género *Bagre* formaron un clado bien definido con valores bootstraps oscilando entre 86 y 96%, en el que *Bagre* se separa de otros géneros en todos los *loci*, especialmente con Cyt b, 12SrRNA y 16SrRNA, donde se distingue como la familia Ariidae forma 2 clados principales: *Bagre* separado del resto, *Cathorops*, *Sciades* y *Occidentarius*.

El COI demostró ser el marcador que proyectó mayor distancia nucleotídica y mayores valores de bootstrap (figura 18).

7.4.1 Identificación de Alevines

Los ocho ejemplares considerados como alevines midieron menos de 6 cm de longitud total. Todas las secuencias de los alevines para los cinco *loci* fueron comparados con el programa BLAST teniendo similitudes >99% con *Sciades seemanni*. Sin embargo, a pesar de formar parte del clado del género *Sciades* y de tener una alta similitud con esta especie todos los alevines formaron un subgrupo dentro del género con valores bootstrap entre 70 - 100% (para COI, Cyt b, 12SrRNA y ATPase 8/6), a excepción del cladograma 16SrRNA con valor de bootstrap de 72%, esto podría estar definido por ser uno de los genes del genoma mitocondrial con menor tasa de evolución, Meyer (1993).

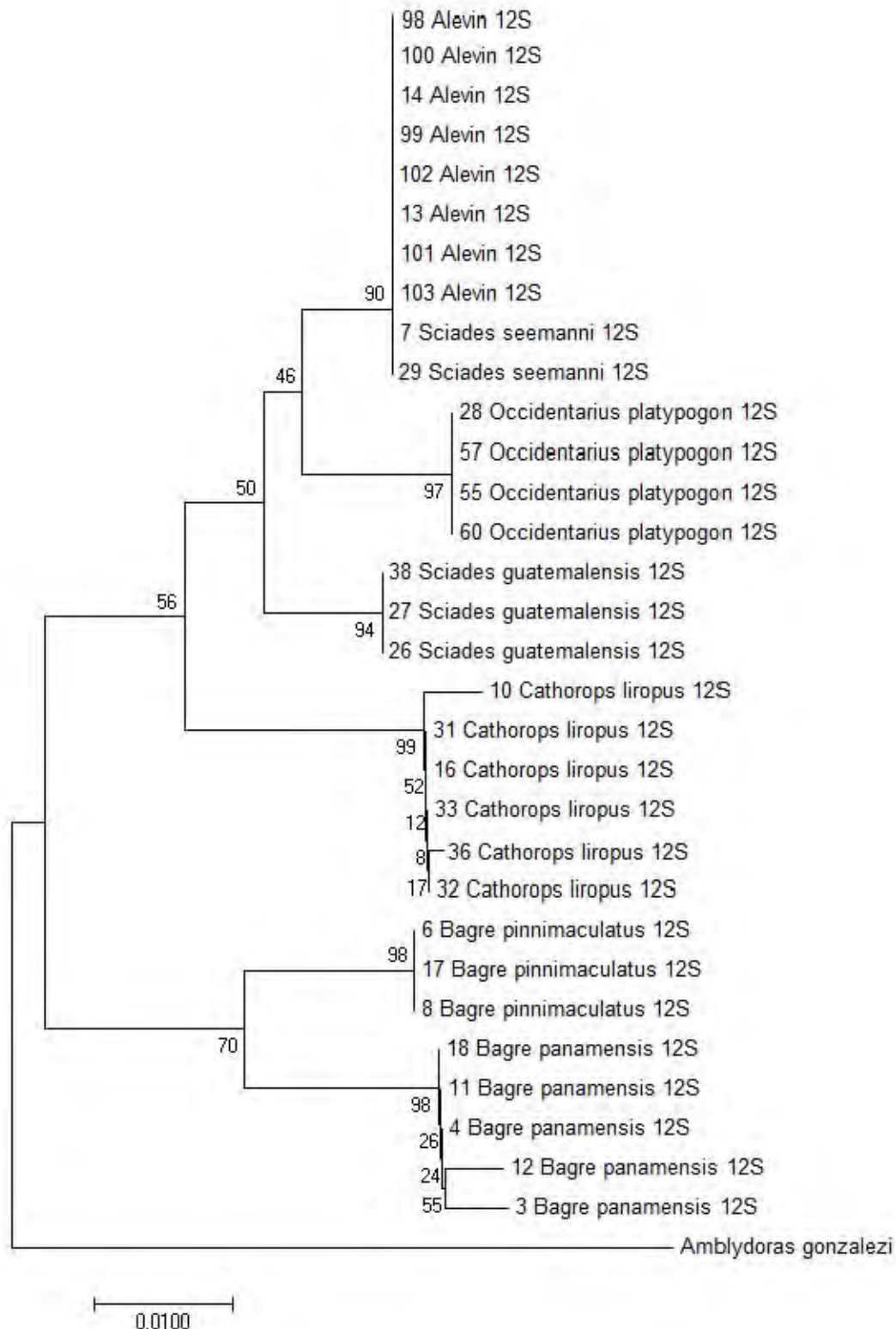


Figura 13. Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para 12SrRNA. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el marcador utilizado en el ejemplar.

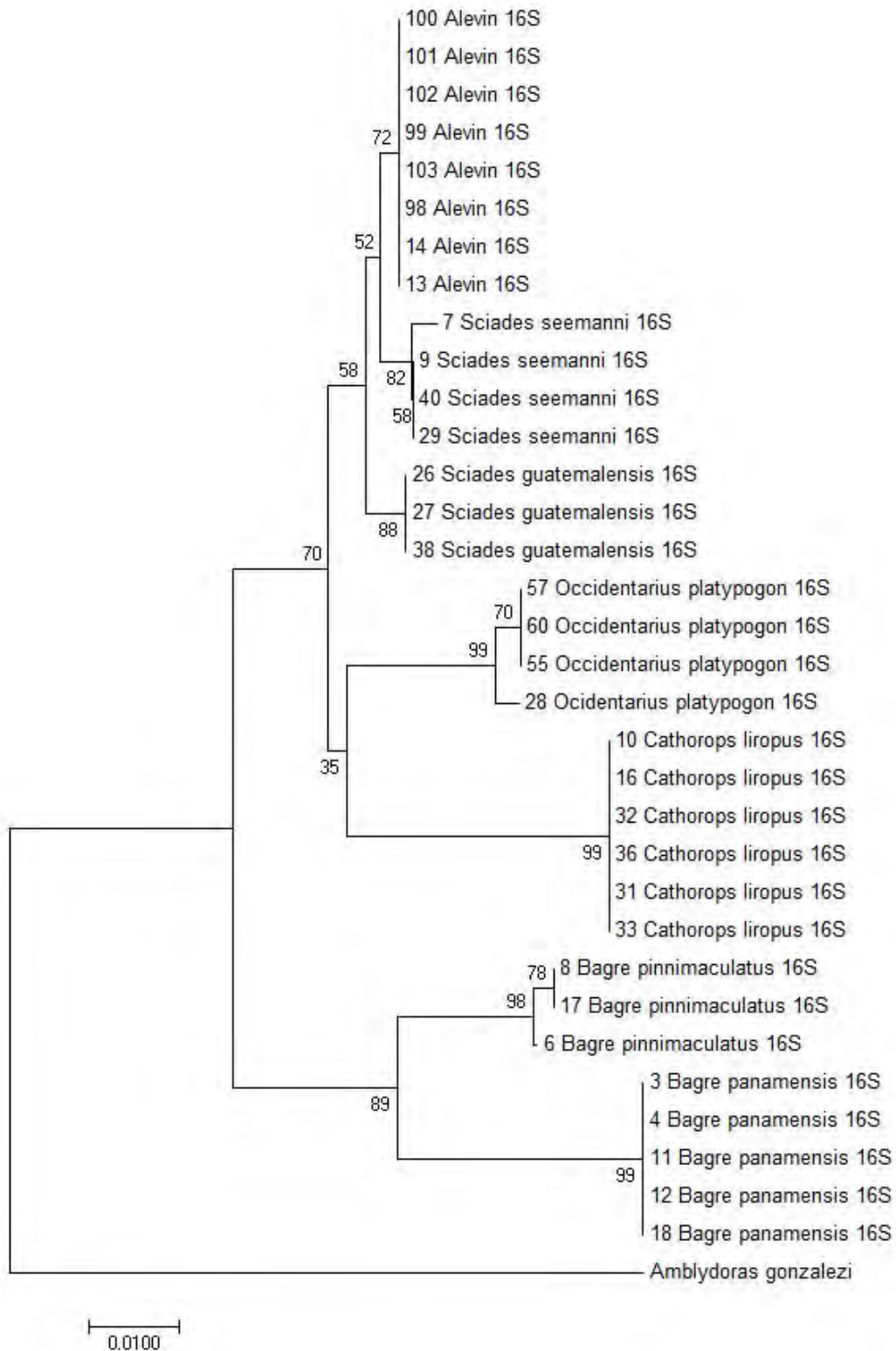


Figura 14. Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para *16SrRNA*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el marcador utilizado en el ejemplar.

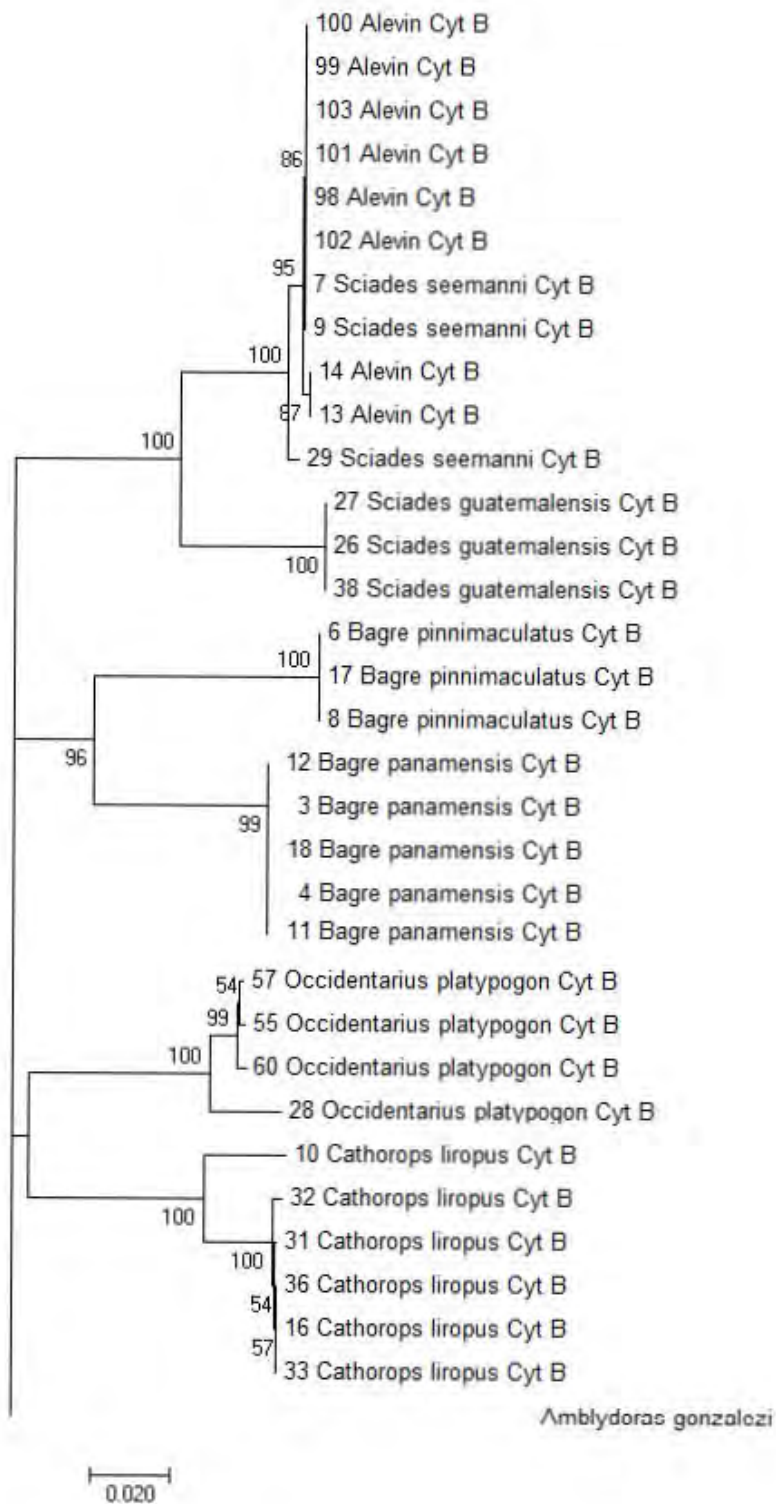


Figura 15. Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para *Cyt B*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 pseudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el marcador utilizado en el ejemplar.

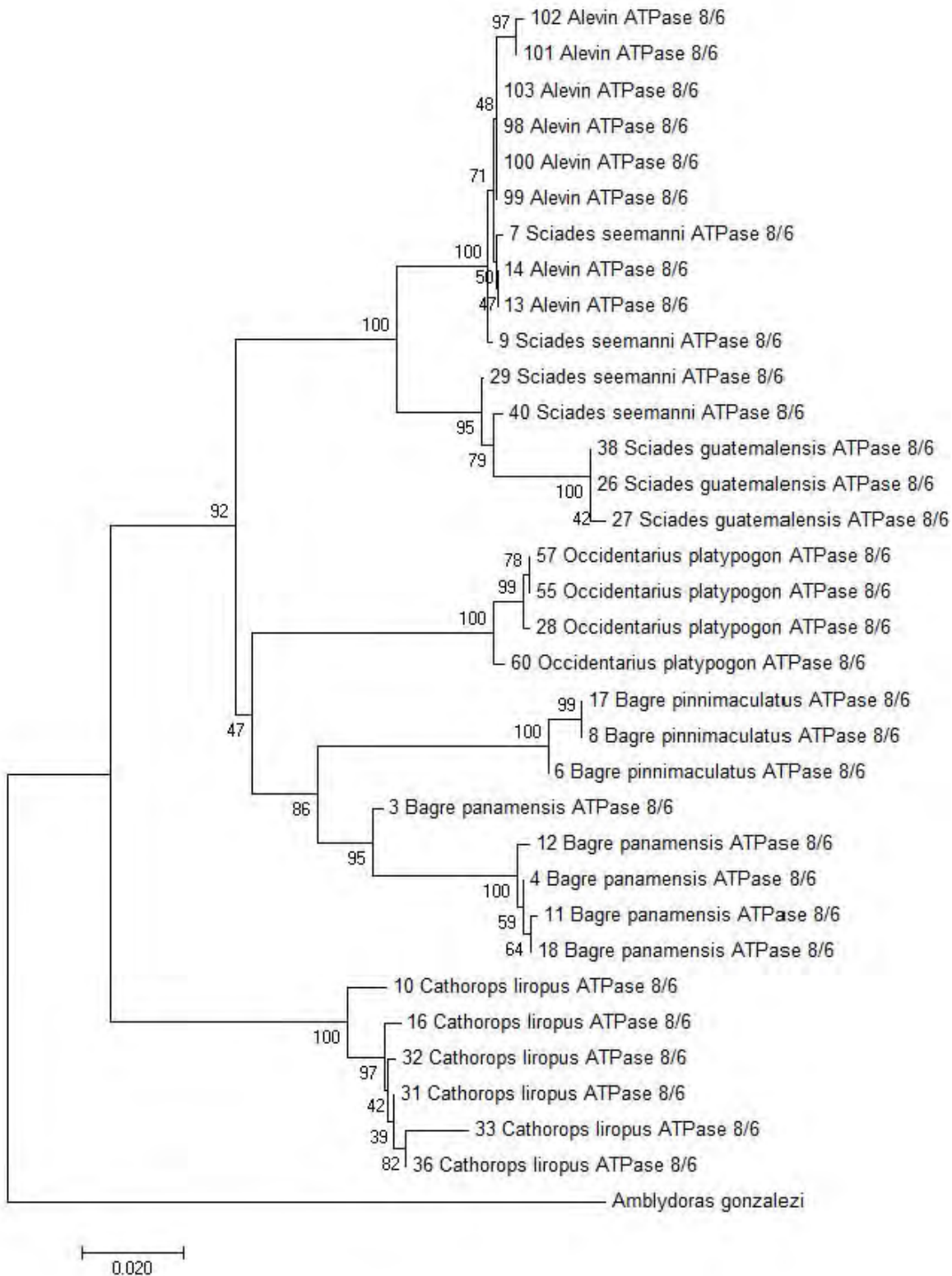


Figura 16. Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para *ATPase 8/6*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el marcador utilizado en el ejemplar.

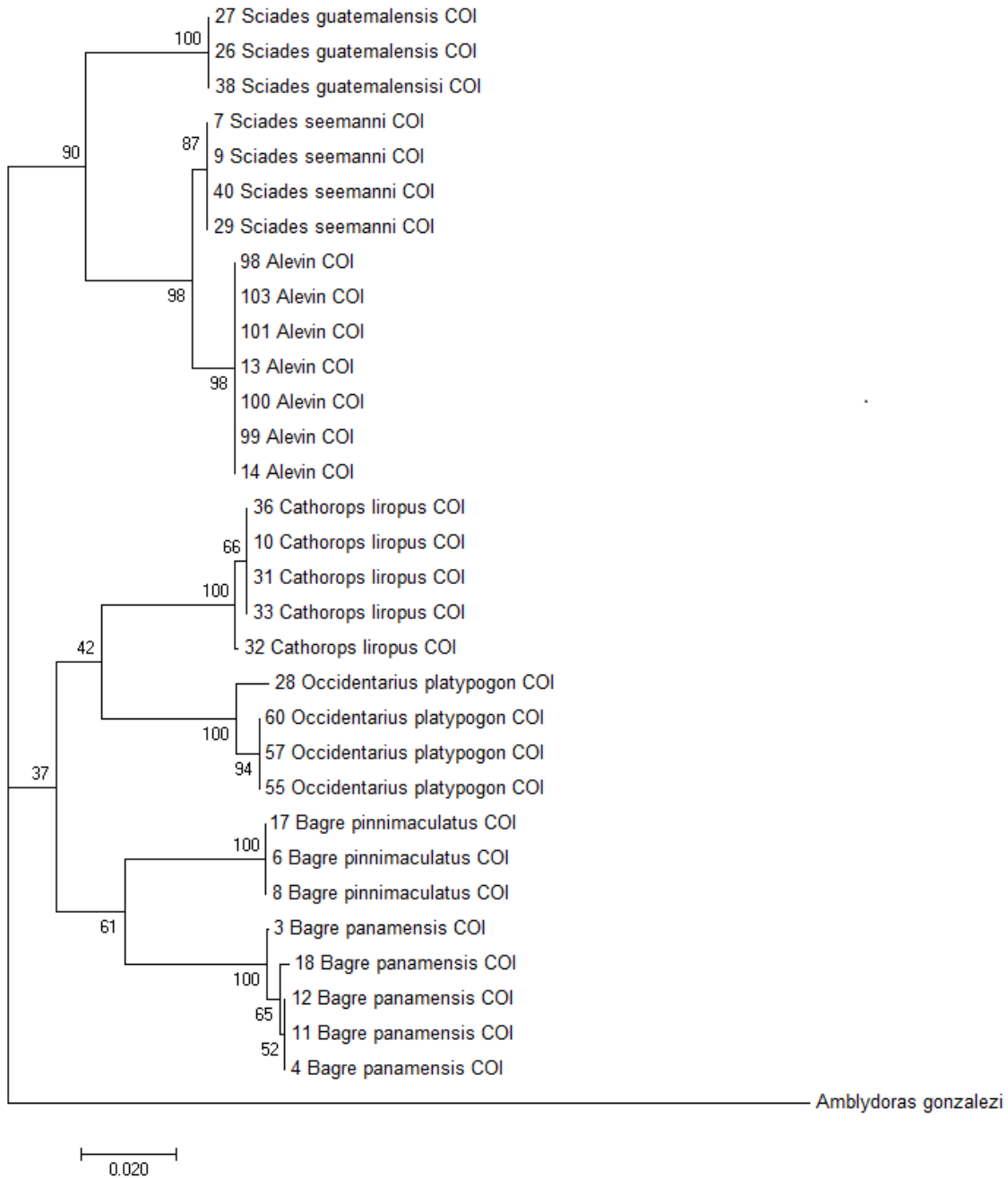


Figura 17. Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para *COI*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el marcador utilizado en el ejemplar.

Finalmente, el concatenado de todas las secuencias (figura 19) se realizó utilizando MEGA 5.01. Obteniendo clados bien soportados con bootstraps elevados, 99% para clado *Bagre*, 100% en *Cathorops*, 100% para *Occidentarius* y 84% género *Sciades*.

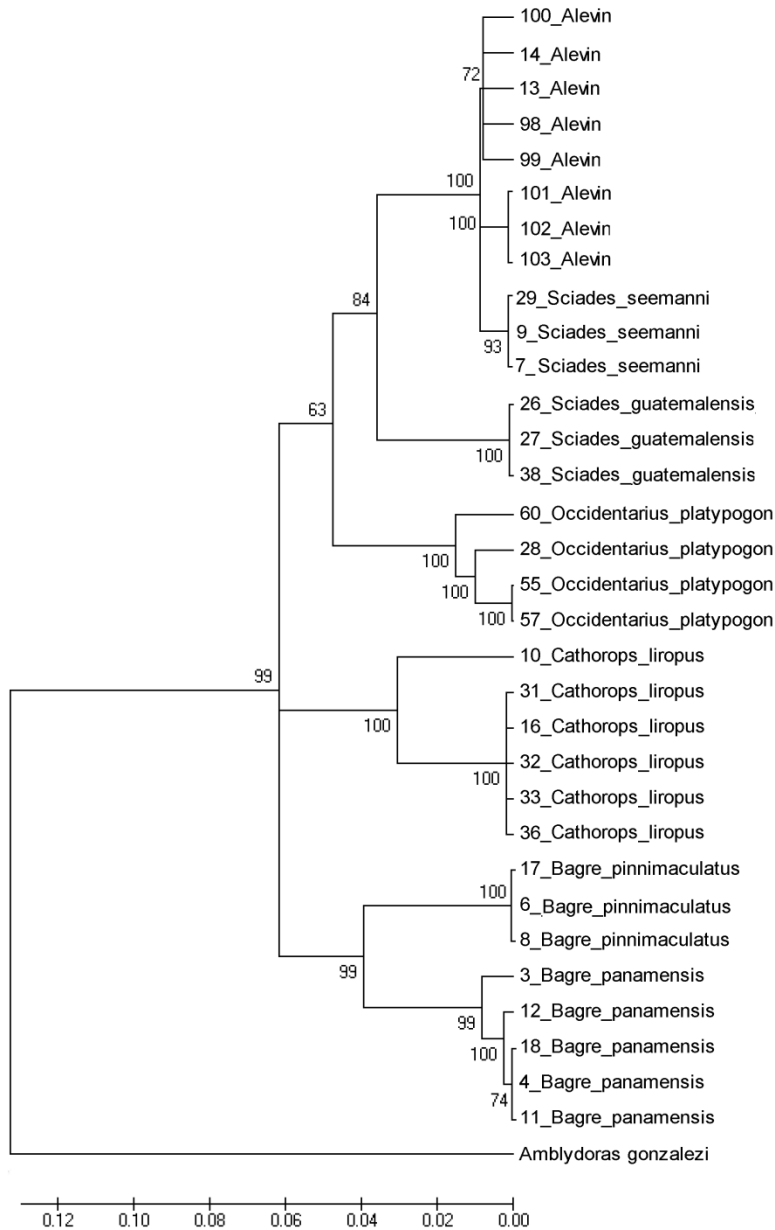


Figura 18. Árbol filogenético utilizando el método de agrupamiento “NJ” para el concatenado de 5 marcadores mitocondriales *12SrRNA*, *16SrRNA*, *ATPase 8/6*, *Cyt b* y *COI*. Los números en la base de los nodos corresponden a los valores de soporte de “bootstrap” calculados en 1000 seudoreplicaciones. Las distancias genéticas (escala abajo izquierda) se calcularon utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los rótulos indican el número de muestra, la especie y el marcador utilizado en el ejemplar.

Como ha sido demostrado en otros estudios de peces (Acero, A. *et al.* 2005, Acero, A. y Betancur, R. 2007; Betancur, R. y Mejía, L. 2000; Betancur, R. 2003. Betancur, R *et al* 2004), se comprobó la monofilia de los géneros de la familia por la combinación de evidencia morfológica y molecular. Árboles de Neighbor Joining computados para las secuencias de Cyt b, ATPase 8/6, COI, 12SrRNA y 16SrRNA separadamente ayudaron a corregir identificaciones previas con claves morfológicas que eran dudosas por incluir caracteres con valores traslapados entre especies del material colectado en campo mostrando la formación de grupos naturales.

VIII. DISCUSIÓN

8.1 Morfología

El presente trabajo surge por la necesidad de poder realizar una identificación taxonómica robusta para la familia Ariidae de peces, para sustentar científicamente la planificación y manejo de su explotación comercial. No obstante, son una importante fuente de alimentación regional; el tener conocimiento sobre las relaciones entre los Ariidae nos puede ayudar a determinar las direcciones evolutivas y su capacidad de adaptación a diferentes hábitats. Sin olvidar que la clasificación taxonómica representa el lenguaje de la comunidad científica.

Para muchas especies de la familia Ariidae, la identificación a nivel de especie mediante la morfología sigue siendo indecisa. *Sciades* fue el más problemático, ya que sus caracteres morfológicos distintivos son muy similares y los rasgos merísticos se traslapan entre las diferentes especies. Éstas incluyen, el color, tipo de superficie dorsal, total de branquiespinas, labios, número de radios de aleta anal y el tamaño de ojos. La identificación morfológica de los individuos correspondientes al género *Sciades*, como *Sciades guatemalensis* fue dudosa, ya que un gran número de caracteres morfológicos se traslapan con especímenes de *Sciades seemanni*, como lo es el total de branquiespinas en el primer arco branquial, radios en la aleta anal y diámetro del ojo; mismas ambigüedades encontradas por Marceniuk (2007). De la misma manera, *Cathorops liropus* podría ser confundido con el género *Sciades*, ya que comparten similitudes con el total de radios en la aleta anal, los cuales oscilan entre 17 y 20 radios.

Otro género que mostró ambigüedad fue *Cathorops*; las especies *Cathorops multiradiatus* y *Cathorops liropus* son muy similares. Castro-Aguirre *et al.* (1999); Betancur y Acero (2005) y; Marceniuk (2007) mencionan que las especies que conforman al grupo de los *Cathorops* no se encuentran adecuadamente definidas. Actualmente 16 especies de *Cathorops* son consideradas válidas, pero hay un gran

número de entidades adicionales que aguardan una descripción formal. Aparte, este género se encuentra reconocido por dos subgéneros: *Precathorops* y *Cathorops* (Betancur *et al.* 2007; Marceniuk *et al.* 2009). Sugieren que hay por lo menos dos formas para *Cathorops liropus*, una entidad de *Cathorops liropus* perteneciente a Sonora y Nayarit, y otra de *Cathorops liropus* desde Sinaloa hasta Oaxaca, encontrando que la misma especie al norte del país se distingue por tener un proceso supraoccipital relativamente más largo.

La separación del género *Bagre* con los demás fue notoria; *Bagre* se distingue por tener dos pares de barbillones a diferencia de los otros géneros que cuentan con tres pares de barbillones. No obstante, no se detectó problemática para distinguir *Bagre panamensis* de *Bagre pinnimaculatus*. Similar al estudio de Da Silva *et al.* (2016), enfocado al género *Bagre*, en el cual se consideró 28 caracteres morfológicos para todos los ejemplares. Concluyendo que no había problemática en la diferenciación de *Bagre panamensis* y *Bagre pinnimaculatus*.

En este estudio se puede demostrar que existe consistencia en la separación de las especies de los géneros *Sciades*, *Occidentarius*, *Cathorops* y *Bagre*, del área geográfica examinada, ya sea por análisis moleculares o morfológicos de bagres marinos obtenidos por numerosos autores como Avise *et al.* (1987); Suzuki y Phan (1990a), Kobelkowsky y Castillo-Rivera (1995); Rodríguez-Estrada (1999); Betancur (2003); Betancur *et al.* (2004); Betancur *et al.* (2007); Acero y Betancur (2007); Betancur (2009); Betancur y Armbruster (2009); Betancur (2010) y Da Silva *et al.* (2016). Por otro lado, difieren de la hipótesis de filogenia morfológica de Kailola (2004).

8.2 Análisis de Secuencias y Taxonomía molecular

La selección de los marcadores (12SrRNA, 16SrRNA, ATPase 8/6, Cyt b y COI) se basó en el éxito que han demostrado en una gran variedad de trabajos previos y por ser los más comunes en el estudio de peces; Betancur, *et al.*, (2003), Moritz y Cicero (2004), Hurst y Jiggins (2005), Acero, *et al.* (2005), Hickerson *et al.* (2006), Roe y Sperling (2007), Acero, *et al.* (2007), Packer, *et al.* (2009), Betancur (2009), Victor *et al.*, (2009), Lakra *et al.*, (2011), Wing *et al.*, (2011).

En todos los árboles se muestran nodos bien soportados y con valores de “bootstrap” más alto en los nodos que reflejan a los géneros como grupo único, lo cual sugiere un homogéneo interespecífico de los valores de distancias genéticas. La cantidad elevada de muestras para una misma especie permitió la detección de clados bien conformados para todos los *loci* estudiados para especímenes adultos a nivel de género y especie. De lo anterior se deriva que la familia Ariidae se manifieste en todos los árboles genéticos.

Adicionalmente a nivel de género, se confirma la monofilia para los géneros *Bagre*, *Cathorops*, *Sciades* y *Occidentarius*, resultado soportador todos los 5 marcadores (Figura 18) mitocondriales utilizados en este estudio, y concuerda con Betancur *et al.* (2007); sus datos mitocondriales (12SrRNA, 16SrRNA, ATPase 8/6, Cyt b) produjeron nodos bien soportados, pero el análisis filogenético del nuclear (Rag2) produjo topologías menos claras. Betancur (2009) con datos morfológicos y los mismos marcadores utilizados en este trabajo a excepción de COI, plantea una hipótesis para 46 taxones del nuevo mundo validando solo 8 géneros, dentro de ellos *Bagre*, *Cathorops* y *Occidentarius*, mientras que *Sciades* lo valida como *Ariopsis*.

El marcador COI permitió separar las especies de manera más clara como en el trabajo de Lakra *et al.*, (2011), en donde, se discriminó claramente el estatus taxonómico de todas las especies examinadas. Al igual que Wing *et al.*, (2011), el

COI agrupo cada género de todos los bagres marinos con valores bootstraps elevados. Peng *et al.* (2006) consideran a COI como uno de los mejores genes individuales para la reconstrucción de los principales linajes de peces Otophysi. Para Victor *et al.* (2009) el uso de código de barras es ideal para identificar especies a nivel género y especie, incluso cuando las muestras son de una amplia zona geográfica.

Los grupos de géneros fueron soportados por valores bootstraps elevados (mayores a 89%), formando dos grupos grandes, *Bagre*, *Cathorops* y *Occidentarius* en un grupo y *Sciades* con *Alevines* en otro. Particularmente en el caso de los *Alevines* y de los especímenes de *Sciades seemanni* se agruparon en un único grupo. Esta observación fomentó una revisión más cuidadosa de las secuencias que indica, diferencias de 10 a 15 nucleótidos entre especies (considerando todos los genes), y que sustenta la identificación de los alevines como *Sciades seemanni*.

Los resultados permiten considerar los cambios y confusiones que han surgido en la posiciones sistemáticas de las especies *Sciades seemanni* y *Sciades guatemalensis* Acero, *et al.* (2005) sugirieron que estas especies son diferentes entre sí y; en este estudio se verifican diferencias de aproximadamente 50 pb entre ambas especies, por lo que se reafirman como especies bien diferenciadas.

COI mostró una mayor distancia entre los géneros. Destacando al género *Bagre*, como el género más distante en cada uno de los marcadores, 12SrRNA (2.1%), 16SrRNA (1.9%), ATP 8/6 (1.01%), Cyt B (1.36%) y COI (7.9%). Dicha característica se ve reflejada en cada uno de los dendogramas generados de manera individual por marcador, en los que se observan nodos consistentes (Figura 13; Figura 14; Figura 15; Figura 16; y Figura 17).

La utilidad del locus COI como código de barras y marcadores mitocondriales es objeto de constantes debates e investigación, Moritz y Cicero (2004); Hurst y Jiggins (2005); Hickerson *et al.* (2006); Roe y Sperling (2007); Packer, *et al.* (2009). A pesar de esto, es importante resaltar que ningún sistema de taxonomía y sistemática será exacto, pero el ADN mitocondrial puede ser un indicador eficiente para la detección de especímenes combinándolo con análisis morfológicos.

ATP 8/6 fue el marcador que mostró la mayor variabilidad entre especies para distancias genéticas como de valores bootstrap (Figura 16). Sin embargo, este comportamiento se esperaba ya que las secuencias para este *locus* no fueron consistentes a diferencia de los otros *loci*. Al menos el 85% de las especies tuvo una variación de lectura muy grande a comparación de otros *loci*. Por otro lado, el grupo de *Cathorops* solo con ATP 8/6 conformó un linaje aislado dentro de la familia Ariidae (Figura 16); a diferencia de los demás marcadores mitocondriales. A pesar de que Acero, *et al.* (2005), Acero, *et al.* (2007) y Betancur, *et al.* (2003) contemplan a este marcador como una herramienta válida para la identificación de diversas especies de la familia Ariidae, no recomendaría este *loci* por si solo para la identificación directa de esta familia, pero si como complemento de otros marcadores para la identificación de bagres.

Cyt b se consideró como el segundo marcador que reflejó mayores distancias genéticas entre muestras (>0.53), concordando con valores de bootstrap elevados (>96%) tanto a nivel género como especie (Figura 15). Angulo (2008) con datos morfológicos y utilizando Cyt b bajo criterio de máxima verosimilitud obtuvo clados congruentes a niveles subfamiliar y genérico. Betancur (2009) obtuvo resultados positivos con este marcador, haciendo énfasis en que este marcador puede ser idóneo para la identificación de ariidos.

También fue el único marcador que resolvió tres grupos principales: *Bagre* en un clado, *Occidentarius* y *Cathorops* en otro, y finalmente *Sciades* y *Alevines* en un tercer clado. La separación de las dos especies de *Bagre*, representada por varios especímenes (*Bagre pinnimaculatus* y *Bagre panamensis*) se encontró claramente soportada (Figura15). Dentro de la rama de *Sciades*, los alevines quedan agrupados consistentemente con *Sciades seemanni* y diferenciados de *Sciades guatemalensis*.

Las secuencias correspondientes al marcador 16SrRNA fueron las que presentaron mejor calidad al momento de su secuenciación, alineación y construcción de árbol (Figura 14), Tanto Betancur *et al.*, (2007), como Peng, *et al.*, (2016) presentaron ningún conflicto de interés con este marcador. De manera

similar, Partwardhan, *et al.*, (2014) considera a 16srRNA adecuado para la identificación de especímenes, por tratarse de un marcador altamente conservador.

Para el marcador 12SrRNA, las especies con distancias mayores fueron *Bagre panamensis* y *Bagre pinimaculatus*, las cuales variaron entre 13.3% y 38.2%. Mientras que las de menor distancia fueron los Alevines (0.1%) y *Sciades seemanni* (0.1-1%). (Figura 13). Betancur, *et al.*, (2007) propone a 12SrRNA como un buen marcador para la identificación de ariidos, mientras que Patwardhan, *et al.*, (2014) menciona que la combinación de este con COI es apropiado para distinguir taxones. En este trabajo solo se consideraría a 12SrRNA como un marcador de apoyo, pero no como uno principal para identificación, debido a que este marcador a pesar de formar clados únicos por género, estos a su vez eran parte de otros clados con especies diferentes (Figura 13). Estos resultados son interesantes ya que hacen recordar que anteriormente *Occidentarius platypogon* era clasificado como *Sciades platypogon* y con este marcador (Figura 13), se observa como el clado de *Occidentarius* se encuentra dentro de *Sciades*, lo que sugiere una cercanía evolutiva. Aunque no se repite este patrón con los demás marcadores sería recomendable utilizar para futuras investigaciones más ejemplares pertenecientes al género *Occidentarius* para aclarar su posición evolutiva.

El concatenado para los 5 marcadores mitocondriales (Figura 18) generó tres grandes grupos, *Bagre*, *Cathorops* y un último grupo constituido por *Occidentarius* y *Sciades*. Concuera con Betancur (2009) quien plantea al género *Bagre* como clado independiente a *Sciades*, *Ariopsis* y *Cathorops*. Tenorio (2011) en su tesis de doctorado realizó una sistemática molecular de cinco especies de bagres (*Ariopsis felis*, *Ariopsis guatemalensis*, *Bagre marinus*, *Cathorops aguadulce* y *Cathorops fuerthii*) y encontró que *Ariopsis* forma un nodo claramente separado de *Cathorops*, pero *Bagre* mostró mayor similitud con el nodo de *Ariopsis* mediante el algoritmo UPGMA.

El árbol concatenado (Figura 18) concuerda con la topología general de la separación de géneros (Figuras 13, 14, 15, 16 y 17). Los datos de ambos métodos dieron lugar a la misma topología. Por otro lado, Betancur *et al.* (2007) menciona al monotípico *Occidentarius* como un linaje aislado dentro de los ariidos. A pesar de la monofilia presentada en este trabajo por los géneros *Bagre*, *Cathorops*, *Sciades* y *Occidentarius*, tanto el grupo de *Occidentarius* como los otros géneros nunca formaron linajes aislados dentro de la familia Ariidae.

La manera en como las especímenes pertenecientes al género *Bagre* formaban clados independientes y bien definidos (Figura 18) sugiere que su diferenciación es marcada y podría reflejarse en las morfologías. Por ejemplo, hay una dirección en el cambio de la forma del cuerpo, que puede ser utilizado para contrastar este género de los demás. También la cantidad de par de barbillones que presentan, dos pares de barbillones para el género *Bagre* y tres pares de barbillones para los demás géneros (Tabla 2), coincidiendo con los trabajos de Acero *et al.* (2005); Betancur *et al.* (2007); Betancur (2009); y Da Silva *et al.* (2016)

El comportamiento irregular del género *Arius sp.* (donde se han clasificado y/o otorgado otros nombres a las especies *Cathorops liropus*, *Occidentarius platypogon*, *Sciades guatemalensis* y *Sciades seemanni*) respecto a su posición nomenclatural dentro de la familia, es similar a los resultados obtenidos de los ejemplares examinados del género *Arius* formando grupos polifiléticos encontrados por Betancur *et al.* (2001), debido a que en la mayoría de los casos se hallan más relacionados con especies incluidas en otros géneros (*Bagre* y *Selenapsis*). Género *Arius* ha sido uno de los principales problemas relativos a la sistemática de ariidos. Kailola (2004) y Betancur *et al.* (2007) concuerdan que el género incluye mucho menos especies de las que inicialmente eran aceptadas. Por otro lado, Cardozo (2010) comenta la falta de resolución para género *Notarius*, *Sciades* y *Ariopsis* con marcadores 12SrRNA, 16SrRNA, Cyt b y Rag 2. No obstante, en este trabajo *Cathorops liropus*, *Occidentarius platypogon*, *Sciades guatemalensis* y *Sciades seemanni* se consideraron como cuatro especies ajenas al grupo de *Arius*, debido

a la separación presentada en cada uno de los marcadores mitocondriales y en el concatenado final (Figura 13; Figura 14; Figura 15; Figura 16; Figura 17; y Figura 18), a pesar de la constante aparición de estas especies como miembros de *Arius*. Por otro lado, A pesar de no contar con más ejemplares tanto para el género *Cathorops* como *Occidentarius* para poder detectar diferencias a nivel especie, se consideraron estos ejemplares como especies con potencial interespecífico.

A pesar de presentar un comportamiento similar entre los diversos marcadores, el locus COI fue el marcador con las mayores distancias genéticas entre especie del mismo género (*Alevines* 0.1%; *Bagre panamensis* 15.6-24.5%; *Bagre pinimaculatus* 14-17%; *Cathorops liropus* 17.3-21.%; *Occidentarius platypogon* 15.8-29.8%; *Sciades seemanni* 12.9-16.7%; *Sciades guatemalensis* 12.6-25.4%).

8.2.1 Identificación de alevines

Considerando las características morfológicas y bajo la suposición de que son equivalentes entre etapas jóvenes y adultas solo fue posible identificar los alevines a nivel familia. Sin embargo, la morfología de organismos de una misma especie puede cambiar significativamente durante su desarrollo, de tal manera que la misma especie en diferentes etapas de desarrollo puede ser identificada como una especie diferente si no se conoce su serie de transformaciones morfológicas. Mas aún, taxónomos pueden tener diferentes criterios en la identificación de especies de larvas, por lo que incluso la misma muestra puede ser identificada de manera inconsistente, lo que hace la comparación de clasificaciones difícil. Ko *et al.* (2013) sugiere que los caracteres morfológicos en etapa larval solo ayudan a identificar especímenes a nivel familia o género haciendo mención que los códigos de barras “COI” son esenciales para verificar la identidad de las especies de peces en etapa larval o juvenil, especialmente si tienen similitudes morfológicas.

Aplicando un enfoque taxonómico molecular, en los dendogramas los alevines se agruparon dentro del clado del grupo *Sciades* y siempre en conjunto con

Sciades seemanni con distancias entre 0.01% y 1%. Las agrupaciones con mejor apoyo (valores de bootstraps para el clado alevines + *Sciades seemanni* >99%) se presentaron en COI (Figura 17) y Cyt b (Figura 16) coincidiendo con Ko *et al.* (2013). Tambipen Victor *et al.* (2009) y Pegg *et al.* (2006), apoyan el uso del locus COI como el método de excelencia para la identificación de larvas y huevos a partir de patrones caracterizados para los adultos de las especies, o incluso para especímenes dañados (Oliveira *et al.* 2012).

Por lo anterior, con los resultados del presente trabajo (Figura 18) se logró la identificación de los alevines a nivel especies (*Sciades seemanni*), considerando a COI como el mejor marcador para la identificación de estos.

Fue sorpresa el no encontrar ejemplares de otras especies entre los alevines muestreados, y en el futuro será recomendable extender los sondeos hasta obtener una colección más amplia de juveniles para verificar su identificación con marcadores moleculares a partir de estos resultados y caracterizar en lo posible diferencias diagnósticas en rasgos morfológicos que ofrezcan alternativas práctica para la identificación específica de alevines en colectas de campo.

IX. CONCLUSIONES

Los análisis a partir de las secuencias mitocondriales arrojaron agrupaciones bien apoyadas que separan claramente los cuatro principales géneros utilizados en esta investigación, *Bagre*, *Cathorops*, *Occidentarius* y *Sciades*, lo que indica que estos peces a nivel género se encuentran en una clasificación adecuada. Es posible que sea valioso el agregar marcadores nucleares (como lo es RAG2) para robustecer los resultados y ampliar hacia un análisis más extenso de las relaciones evolutivas.

Fue posible la identificación de alevines a especie usando técnicas moleculares. Se esperaba demostrar esta capacidad con un mayor número de especímenes y de alevines de varias especies. No obstante, la identificación como *Sciades seemanni* se logró con un buen apoyo estadístico. Esta tecnología continuará siendo útil aunque la limitante es el contar con bases de datos para los loci de peces adultos para su corroboración, además de contar con los recursos y la infraestructura técnica para realizar los estudios. Aun así, se ofrece información nunca antes reportada para la identificación de alevines en esta familia.

Para trabajos futuros se podrían construir claves merísticas morfológicas a partir de colecciones de alevines previamente identificados con marcadores moleculares que, si fueran factibles se podría evitar la necesidad de estudios moleculares.

Entre los análisis de secuencias, el COI, fue el marcador que arrojó secuencias más limpias; y para propósitos de agrupación de alevines en los fenogramas fue el marcador que sobresalió generando un clado nítido. Considero que COI puede ser una herramienta idónea para identificar peces en etapa larval.

Dado que tanto el uso de claves como de marcadores moleculares arrojaron resultados similares, se considera a los marcadores como complementos para las estrategias de identificación de alevines sin descuidar una futura reestructuración de

las claves FAO, generando una combinación de herramientas más que suficiente para la identificación de estas especies en nuestro país. Para cuestiones de estudio científico la combinación de ambas herramientas sería una buena estrategia para análisis futuros. No obstante, para identificaciones previas en campo, lo mejor sería el manejo de claves, ya que no cuentas con acceso a un laboratorio de manera oportuna.

Respecto al grupo de *Cathorops*, las especies de *Cathorops liropus* son muy similares a las de *Cathorops multiradiatus*, pero no se puede realizar una comparación por la ausencia de ejemplares; y aún hay muchas disputas respecto a posibles subgéneros dentro de este grupo como se mencionaba en la discusión. Considero que la ubicación de *Cathorops liropus* dentro del género y su correcta posición taxonómica deberán esperar una revisión completa del grupo, lo cual no es objetivo del presente trabajo.

A pesar de que los marcadores mitocondriales utilizados en este estudio fueron eficientes para resolver ambigüedades en la identificación previa de las especies pertenecientes a la familia Ariidae, será de importancia en trabajos posteriores, enfocar esfuerzos en resolver la posición taxonómica del género *Cathorops* y *Sciades*, que incluya todas las especies de dichos géneros, con la finalidad de comprobar la monofilia de estos grupos.

Estos resultados subrayan la necesidad de una re-evaluación de la clasificación ariidos, ya que la taxonomía es de suma importancia para la descripción de la biodiversidad, la identificación precisa de las especies y poblaciones, es necesaria para los planes de manejo de la pesca. Una identificación errónea, el uso de nombres obsoletos, o la aplicación de nombres engañosos pueden tener consecuencias biológicas y económicas considerables, por lo tanto, la correcta identificación de especies de peces, su precisa actualización y ordenamiento taxonómico son la base para la adopción de medidas de manejo específicas para las diferentes especies de peces.

No obstante lo anterior, el análisis tradicional con claves morfológicas conlleva varias ventajas entre las cuales sobresale el hecho de ser económico, fiable para ciertas especies y sobre todo de fácil manejo en el campo. Sin embargo también cuenta con sus desventajas: no es útil para la identificación de peces en etapa larval donde aún no presentan caracteres morfológicos definidos, así como la confusión existente dentro de las claves para identificar ciertas especies. Las claves morfológicas tuvieron un mayor impacto si estas se estuvieran actualizando constantemente, ya que la gran mayoría son ediciones viejas.

Por otro lado, el análisis molecular, nos puede ayudar a identificar cualquier especie sin importar en qué etapa de su ciclo de vida se encuentre, ayuda a clasificar a nivel género y especie de una manera limpia, robusta y confiable. No obstante su principal problemática es el precio de estas herramientas, ya que se necesita de un sofisticado laboratorio y los reactivos tienen un costo elevado.

El detrimento al manejo sustentable de los ariidos y su relevancia económica, la clasificación de este grupo es probablemente la más controvertida entre las familias de bagres. A pesar de los debates respecto a la monofilia de Ariidae, y del hecho de que esta familia se encuentra fuertemente apoyada tanto por rasgos morfológicos como moleculares existe una gran inestabilidad de nomenclatura con especies que han sido cambiadas de un género a otro (por ejemplo *Occidentarius platypogon*, *Cathorops liropus*). A pesar de los esfuerzos y de los resultados positivos en este trabajo se necesita un análisis más profundo a nivel nacional; consideraría el uso de ejemplares por cada región o estado, con una duración de muestreo mayor a la de tres años, realizando repeticiones en la misma zona debido a que, por cuestiones climatológicas (ciclones, el fenómeno del niño, etc.) la presencia de especies se puede ver afectada e inclusive generar una disminución de éstos, mientras que al mismo tiempo se podría observar si algunos ejemplares son estacionales o simplemente se desplazan de acuerdo a la temporada del año.

X. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Acero, A., R. Betancur, R., Polanco, F., Chaparro, N. 2005. Diferenciación sexual temprana a nivel óseo en dos géneros de bagres marinos (Pisces: Ariidae) del Caribe. *Memoria de la Fundación La Salle de Ciencias Naturales* 163: 37-43.
- Acero, A., Tavera, J., Reyes, J., 2005. Systematics of the genus *Bagre* (Siluriformes: Ariidae): A morphometric approach. *Cybium* 2005, 29 (2): 127-33.
- Acero, A. & Betancur, R. 2007. Monophyly, affinities, and subfamilial clades of sea catfishes (Siluriformes: Ariidae). *Ichthyol. Explor. Freshwaters*, Vol. 18, No. 2, pp. 133-143.
- Amezcuca Linares, F. *et al.* 1992. Alimentación y reproducción del sol Achirus mazatlanus en el sistema lagunar costero de Agua Brava, Pacífico de México. *An. Inst. Cienc. Del Mar y Limnol.* México: UNAM, 19 (2):91-194.
- Amezcuca Linares, F. 1996. Peces Demersales de la Plataforma Continental del Pacífico Central de México. Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, Universidad Autónoma de México, 183 p.
- Amezcuca Linares, F. 2009. Peces Demersales del Pacífico de México. México. 1ra edición.
- Amos, B., Hoelzel, A. 1991. Long term preservation of whale skin for DNA analysis. *Rep. Int. Whal. Comm.* (special issue 13): 99-103.
- Angulo, L. 2008. Análisis filogenético de los bagres marinos (Siluriformes: Ariidae) del Nuevo Mundo: Evidencia total. Escuela de Biología, UIS.
- Awise, J. ., Reeb, C., Saunders, N. 1987. Geographic population structure and species differences in mitochondrial DNA of mouthbrooding marine catfishes (Ariidae) and demersal spawning toadfishes (Batrachoididae). *Evolution* 41(3): 991-1002.
- Bellier, E., Planque, B., Petitgas, P. 2007. Historical fluctuations in spawning location of anchovy (*Engraulis encrasicolus*) and sardine (*Sardina pilchardus*) in the Bay of Biscay during 1967–73 and 2000–2004. *Fisheries Oceanography*, 16, 1–15.
- Betancur, R., Mejía, L. 2000. Análisis preliminar de la sistemática filogenética de algunas especies de bagres marinos (Siluriformes: Ariidae) de Colombia y aguas tropicales adyacentes. Trabajo de Grado, Facultad de Biología Marina, Universidad Jorge Tadeo Lozano, Santa Marta, 253 p.
- Betancur, R. 2003. Filogenia de los bagres marinos (Siluriformes: Ariidae) del Nuevo Mundo. Tesis de Maestría. Universidad Nacional de Colombia-INVEMAR, Bogotá. 121pp.
- Betancur, R., Acero, A., Mejía, L. 2004. Análisis filogenético preliminar de algunos bagres marinos (Siluriformes: Ariidae) neotropicales. *Memoria de la Fundación La Salle de Ciencias Naturales* 2004 158: 61-85.
- Betancur, R., Acero, A., Bermingham, E., Cooke, R. 2007. Systematics and biogeography of New World sea catfishes (Siluriformes: Ariidae) as inferred from mitochondrial,

- nuclear, and morphological evidence. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 45 (2007) 339–357.
- Betancur, R. 2009a. Systematics and evolutionary history of sea catfishes (Siluriformes: Ariidae). Ph.D. Dissertation, Auburn University, Auburn. 200 p.
- Betancur, R. 2009b. Molecular phylogenetics and evolutionary history of ariid catfishes revisite: a comprehensive sampling. *BMC Evolutionary Biology* 2009, 9:175.
- Betancur, R., Armbruster, J. 2009. Molecular clocks provide new insights into the evolutionary history of galeichthyine sea catfishes. *Evolution* 63(5): 1232-1243.
- Betancur, R. 2010. Molecular phylogenetics supports multiple evolutionary transitions from marine to freshwater habitats in ariid catfishes. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 55 (2010) 249–258.
- Carreon-Martinez, L., Holt, S., Nunez, B., Faulk, C., Holt, G. 2010. The use of polymerase chain reaction for the identification of sciaenid eggs. *Marine Biology*, 157, 1889–1895.
- Cardozo, J. 2010. Análisis filogenético de la familia Ariidae (Siluriforme) a partir de caracteres morfológicos y moleculares. Universidad Industrial de Santander.
- Carvalho, D., Neto, D., Brasil, B., Oliveira, D. 2011. DNA barcoding unveils a high rate of mislabeling in a commercial freshwater catfish from Brazil. *Mitochondrial DNA*, October 2011; 22 (S1): 97-105.
- Castro-Aguirre, J., Espinosa, H., Schmitter-Soto, J. 1999. *Ictiofauna Estuarino-Lagunar y Vicaria de México*. Colección Textos Politécnicos. Serie Biotecnologías. Ed. Limusa. México, D.F. pp. 140-158, 521-532.
- Cawthorn, D., Steinman, H., Witthuhn, C. 2011. DNA barcoding reveals a high incidence of fish species misrepresentation and substitution on the South African market. *Food Research International* 46 (2012) 30-40.
- Cervigón, F. 1991. Los peces marinos de Venezuela. Venezuela. 2da edición.
- Cespedes, A., Garcia, T., Carrera, E., Gonzalez, I., Fernandez, A., Asensio, L., Hernandez, P., Martin, R. 2000. Genetic differentiation between sole (*Solea solea*) and Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) by PCR-RFLP analysis of a 12S rRNA gene fragment. *J Sci Food Agric* 80:29–32.
- Chávez, J. Tesis. 2011. Variación morfométrica, en talla y peso del bagre *Sciades guatemalensis* (Günther, 1864) en el complejo lagunar-estuarino Chantuto-Panzacola, Chiapas, México. Universidad del Mar. Campus Puerto Ángel. Oaxaca.
- Chittenden, M., McEachran. 1976. Composition, ecology and dynamics of demersal fish communities on the northwestern Gulf of Mexico Continental shelf, with a similar synopsis for the entire Gulf. Sea Grant Program, Texas: Texas A & M University Press, 76(208):1-104.
- CONAPESCA. 2016. Estadística Pesquera y Acuícola de México. 28 agosto 2016. México.

- CONAPESCA. 2014. Siembra CONAPESCA 33 mil crías de bagre en el Municipio de Chihuahua. Chihuahua, Chihuahua. 18 marzo de 2014. México
- Cruz, V., Abitia, L., Campos, L., Galvan, F. 2000. Trophic biology contributions of the slender-spined catfish *Arius platypogon* (Günther, 1864), in San Ignacio Lagoon, Baja California, Sur. México. *Revista de Biología Marina y Oceanografía* 35 (1): 41-47.
- David, I., Gerson, F. 2004. Influences of the reproductive cycle on condition of marine catfishes (Siluriformes, Ariidae) in a coastal área at southeastern Brazil. *Environmental Biology of Fishes* 71: 341–351, 2004.
- Day, F. 1889. *Fishes*. Vol. I., p. 1-548. In W.T. Blanford (ed.). The fauna of British India, including Ceylon and Burma. Taylor and Francis, London.
- De Pinna, M. 1993. Higher-level phylogeny of Siluriformes (Teleostei, Ostariophysi), with a new classification of the order. Tesis doctoral, City University of New York, New York. 482 pp.
- Díaz-Jaimes, P., Sandoval-Castellanos, E., Uribe-Alcoccer, M. 2007. Comparative population structure of three snook species (Centropomidae) from the eastern central Pacific. *Ichthyological Research* 54 (4): 380-387.
- Diogo, R. 2005. Morphological evolution, adaptations, homoplasy, constraints and evolutionary trends: catfishes as a case study on general phylogeny and macroevolution. Science Publishers, Enfield, 491 pp.
- Fischer, W., Krupp, F., Sommer, C., Carpenter, K., Niem, V. (1995). Guía FAO, para la identificación de especies para los fines de pesca. Pacífico centro-oriental. Vol. II. Parte 1. FAO, Roma.
- Fitzsimmons, J., LeGrande, W., Korth, J. 1988. Karyology of the marine catfish *Bagre marinus* (Ariidae) with an analysis of chromosome number among siluriform fishes. *Japanese Journal of Ichthyology* 35: 189-193.
- Fox, C., Taylor, M., Pereya, R., Villasana, M., Rico, C. 2005. TaqMan DNA technology confirms likely overestimation of cod (*Gadus morhua* L.) egg abundance in the Irish Sea: implications for the assessment of the cod stock and mapping of spawning areas using egg-based methods. *Molecular Ecology*, 14, 879–884.
- Froese, R., Pauly D. 2005. FishBase. World Wide Web electronic publication. www.fishbase.org, version. Recuperado el 3 de noviembre de 2012.
- Gaspar, M., Hernández, D. 2013. Pesquerías Continentales de México. Instituto Nacional de Pesca. 1ra edición
- García-Molina, F., Uribe-Alcoccer, M. 1989. Análisis cromosómico del Bagre Marino *Arius felis* (Ariidae: Siluriformes) de la Región de la Laguna de Términos Campeche. *Anales del Instituto de Ciencias del Mar y Limnología. Universidad Nacional Autónoma de México* 16: 69-74.
- Gemmell, N., Akiyama, S. 1996. An efficient method for the extraction of DNA from vertebrate tissues. *Trends Genet* 12: 338–339.
- Gleason, L., Burton, R. 2011. High-throughput molecular identification of fish eggs using multiplex suspension bead arrays. *Molecular Ecology Resources*.

- Hardman, M. 2002. Phylogenetic relationships among species of Ictaluridae (Otophysi: Siluriformes) and of the family to other catfishes. Tesis doctoral. Animal Biology, University of Illinois, Urbana-Champaign, 241 p.
- Hardman, M. 2005. The phylogenetic relationships among non-diplomystid catfishes as inferred from mitochondrial cytochrome b sequences; the search for the ictalurid sister taxon (Otophysi: Siluriformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 37 (2005) 700–720.
- Hebert, P., Cywinska, A., Ball, S., deWaard, J. 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B: Biological Sciences*, 270, 313–321.
- Hebert, P., Cywinska, A., Ball, S., deWaard, J. 2003b. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B: Biological Sciences*, 270(Suppl.), S96–S99.
- Hickerson, M., Meyer, C., Moritz, C. 2006. DNA barcoding will often fail to discover new animal species over broad parameter space. *Systematic Biology*, 55, 729–739.
- Higuchi, H. 1982. Estudio osteológico de bagres marinos del litoral sur do Brasil. (Osteichthyes; Siluroide, Ariidae). Tesis de maestría. Instituto de Biociencias, Universidade do São Paulo, São Paulo, 135 p.
- Hurst, G., Jiggins, F. 2005 Problems with mitochondrial DNA as a marker in population, phylogeographic and phylogenetic studies: the effects of inherited symbionts. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, 272, 1525–1534.
- Hyde, J., Lynn, E., Humphreys, R., Musyl, M., West, A., Vetter, R. 2005 Shipboard identification of fish eggs and larvae by multiplex PCR, and description of fertilized eggs of blue marlin, shortbill spearfish, and wahoo. *Marine Ecology Progress Series*, 286, 269–277.
- Instituto Nacional de Ecología. Geo México 2004. Recuperado el 27 octubre de 2012.
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía. México en el mundo 2010. Recuperado el 27 de octubre de 2012.
- Kailola, P. 1990. A review of the freshwater fork-tailed catfishes (Pisces: Ariidae) of northern New Guinea, with descriptions of two new species. *Red. West. Ausst. Mus., Suppl.* 34: 1-30.
- Kailola, P. 1991. The catfish family Ariidae in New Guinea and Australia: relationships, systematics, and zoogeography. Tesis Doctoral, University of Adelaide, Australia. 464 pp.
- Kailola, P., Bussing, W. 1995. Ariidae. Pp. 860-886. En: W. Fischer, F. Krupp, W. Schneider, C. Sommer, K. E. Carpenter y V. Niem (Eds.), *Guía FAO para Identificación de Especies para los Fines de la Pesca, Pacífico Centro-Oriental*. Vol. II, Parte 1. FAO, Roma.
- Kailola, P. (2004). A phylogenetic exploration of the catfish family Ariidae. *The Beagle, Rec Mus Art Galleries N Terr* 2004, 20:87-166.

- Karaiskou, N., Triantafyllidis, A., Alvarez, P., Lopes, P., Garcia-Vazquez, E., Triantaphyllidis, C. 2007. Horse mackerel egg identification using DNA methodology. *Marine Ecology*, 28, 429–434.
- Ko H-L, Wang Y-T, Chiu T-S, Lee M-A, Leu M-Y, *et al.* 2013. Evaluating the Accuracy of Morphological Identification of Larval Fishes by Applying DNA Barcoding. *PLoS ONE* 8(1): e53451. doi:10.1371/journal.pone.0053451
- Kobelkowsky, D., Castillo-Rivera, M. 1995. Sistema digestivo y alimentación de los bagres (Pisces: Ariidae) del Golfo de México. *Hidrobiológica* 5 (1-2): 95-103.
- Kritsky, D., Mendoza-Franco, E., Bullard, S., Vidal-Martínez, V. 2009. Revision of the amphiamerican *Neotetraonchus* Bravo-Hollis, 1986 (Monogenoidea: Dactylogyridae), with a description of *N. vegrandis* n. sp. From the gill lamellae of the blue sea catfish *Ariopsis guatemalensis* (Siluriformes: Ariidae) off the Pacific Coast of Mexico. *Syst Parasitol* (2009) 74:1-15.
- Lakra, W., Verma, M., Goswami, M., Lal, K., Mohindra, V., Punia, P., Gopalakrishnan, A., Singh, K., Ward, R., Hebert, P. 2011. DNA barcoding Indian marine fishes. *Molecular Ecology Resources*(2011) 11, 60-71.
- LeGrande, W. H. 1980. The chromosome complement of *Arius felis* (Siluriformes: Ariidae). *Japanese Journal of Ichthyology* 27: 82-84.
- Lelièvre, S., Verrez-Bagnis, V., Jérôme, M., Vaz, S. 2010. PCR-RFLP analyses of formalin-fixed fish eggs for the mapping of spawning areas in the Eastern Channel and southern North Sea. *Journal of Plankton Research*, 32, 1527–1539.
- Lundberg, J. 1993. African-South American freshwater fish clades and continental drift: problem with a paradigm. Pp. 156-199. En: P. Goldblatt (Ed.), *Biological relationships between Africa and South America*. Yale University Press, New Haven.
- Marceniuk, A. 2007. Description of *Cathorops manglarensis*, a new species from the Colombian Pacific, with redescription of *Cathorops multiradiatus* (Siluriformes; Ariidae). *Zootaxa* 1529: 33-48.
- Marceniuk, A., Menezes, N. A. 2007. Systematics of the family Ariidae (Ostariophysi, Siluriformes), with a redefinition of the genera. *Zootaxa* 2007:3-126
- Marceniuk, A., Betancur, R., Acero, P. 2009. A new species of *Cathorops* (Siluriformes: Ariidae) from Mesoamerica, with redescription of four species from the Eastern Pacific. *Bulletin of Marine Science*, 85(3): 245-280.
- Melchor, J., Tesis. 1980. Estudio sobre la biología y ecología de los chihuiles *Arius caerulescens* y *Arius liropus* del estero del verde y laguna de caimanero, Sinaloa (Pisces: Ariidae). Tesis de Licenciatura, Instituto Politécnico Nacional. México. Pp. 3.
- Mejía, L., Betancur, R., Acero, A., Zarza, E. (2002). Presencia de *Arius grandicassis* en el Caribe colombiano, incluyendo una clave para la identificación de los peces de la familia Ariidae en el área. *Bol. Inst. Invest.Mar. Cost.* 31: 5-13.
- Mendoza-Carranza, M. 2003. The feeding habits of gafftopsail catfish *Bagre marinus* (Ariidae) in Paraiso Coast, Tabasco. Mexico. *Hidrobiológica* 2003, 13 (2): 119-126.

- Meyer, A. 1993. Evolution of mitochondrial DNA in fishes. In: Mochachka, P.W. and Mommsen, T.P. Eds., *Biochemistry and molecular biology of fishes*, Elsevier Press Amsterdam, New York, 1-38.
- Moritz, C., Cicero, C. 2004. DNA barcoding: promise and pitfalls. *Plos Biology*, 2, 1529–1531.
- Morrone, J. 2000. El lenguaje de la cladística. México. Dirección general de publicaciones y fomento. Editorial UNAM.
- Morrone, J. 2001. Sistemática, biogeografía, evolución. México. Las prensas de ciencias, Facultad de ciencias. UNAM.
- Molina, J., Molero, L., Hernández, D., Acosta, J., Hernández, J y Villamedina, P., 2004. Cariotipo del bagre guatero *Hexanematchthys herzbergii* (Ariidae: Siluriformes) del estrecho del Lago de Maracaibo, Venezuela. *Biol. Centro Invest. Biol.* 38(3): 15-23.
- Muro, V., Amezcua Martínez, F. (2011). Observations on the Reproductive Biology of the Chiul Sea Catfish in the Southeast Gulf of California: Implications for Management. *American Fisheries Society Symposium* 77:000–000, 2011.
- Nirchio, M., Monteiro, M., Foresti, F., Oliveira, C. 2010. Cytogenetic analysis of three sea catfish species (Teleostei, Siluriformes, Ariidae) with the first report of Ag-NOR in this fish family. *Genet Mol Biol.* 2010 Apr-Jun; 33(2): 262-265.
- Nelson, J. 1994. *Fishes of the world*. Tercera edición. John Wiley and Sons, Inc., Nueva York, 600 p.
- Oliveira, A., Antunes, R., Casagrande, T., García, L., Hanner, R., Oliveira, C. 2012. DNA barcodes identify marien fishes of Sao Paulo State, Brazil. *Molecular Ecology Resources* (2012) 12, 1012-1020.
- Okumus, I., Ciftci, Y. 2003. Fish population genetics and molecular mar markers: II-Molecular markers and their application in fisheries and aquaculture. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 3: 51-79.
- Packer, L., Gibbs, J, Sheffield, C., Hanner, R. 2009. DNA barcoding and the mediocrity of morphology. *Molecular Ecology Resources*, 9, 42–50.
- Parra, R., Andrade, G. 2000. Aspectos biológicos-pesqueros de los bagres Paletón (*Sorubim* sp.), Malarmo (*Platysilurus malarmo*) y Doncella (*Ageneiosus* sp.) Desembarcados en Puerto Concha, municipio Colón, Venezuela. *FCV-LUZ/Vol. X, N° 2*, 100-106, 2000.
- Perez, J., Álvarez, P., Martínez, J., Garcia-Vazquez, E. 2005. Genetic identification of hake and megrim eggs in formaldehyde-fixed plankton samples. *ICES Journal of Marine Science*, 62, 908–914.
- Pegg, G., Sinclair, B., Briskey, L., Aspden, W. 2006. MtDNA barcode identification of fish larvae in the southern Great Barrier Reef, Australia. *Scientia Marina* 70S2. Barcelona (Spain) ISSN: 0214-8358.
- Peng, W., He, S. 2006. The comple mitochondrial genome of the helmet catfish *Cranoglaens boudierius* (Siluriformes: Cranoglanididae) and the phylogeny of otophysan fishes. *Gene* 376 (2006) 290-297.

- Peng, W., Youjun, O., Jiufu, W., Jia'er, L. 2016. The complete mitochondrial genome of *Arius arius* (Siluriformes: Ariidae). Taylor & Francis. Mitochondrial DNA Part B. Vol. 1, No 1, 551-552.
- Rishi, K. K., J. Singh., M. S. Haoban. 1983. Karyological study on a marine catfish *Arius dussumieri* (Val.) (Ariidae: Siluriformes). *Chromosome Information Service* 34: 7-9.
- Rodríguez-Estrada, U. 1999. Caracterización electroforética de las proteínas totales del tejido muscular de cinco especies de bagres de la familia Ariidae de la República Mexicana. Tesis de Licenciatura. Universidad Veracruzana, Córdoba, Ver. 81p.
- Roe, A., Sperling, F., 2007. Patterns of evolution of mitochondrial cytochrome c oxidase I and II DNA and implications for DNA barcoding. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44, 325–345.
- Ruiz-Carus, R., M. Uribe-Alcocer. 2003. Phylogenetic assessment of *Eucinostomus gula*, *Eugerres plumieri* and *Diapterus auratus* (Gerreidae: Pisces) based on allozyme and mtDNA analyses. *Caribbean Journal of Science* 39 (1): 109-115.
- Saad, T., Bueno, R., *et al.*, 2010. A comparative study of two marine catfish (Siluriformes, Ariidae): Cytogenetic tools for determining cytotaxonomy and karyotype evolution. *Micron* 41 (2010) 193-197.
- Santos, B., Quilang, J. 2011. DNA barcoding of *Arius* Species (Siluriformes: Ariidae) in Laguna de Bay, Philippines using the Cytochrome C Oxidase Subunit 1 Gene. *Philip Agric Scientist*. Vol. 94 No. 2, 205-210.
- Schmitz, A., Riesner, D. 2006. Purification of nucleic acids by selective precipitation with polyethylene glycol 6000. *Analytical Biochemistry* 354 (2006) 311-313.
- Sullivan, J., Lundberg, G., Hardman, M. 2006. A phylogenetic analysis of the major groups of catfishes (Teleostei: Siluriformes) using rag1 and rag2 nuclear gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 41: 636-662.
- Suzuki, H., Phan, V. 1990a. Electrophoretic study on intraspecific variation and interspecific relationship of marine catfishes (Siluriformes, Ariidae) of Cananeia (Sao Paulo, Brazil) 1 General proteins of eye-lens and skeletal muscle. *Boletim do Instituto Oceanografico. S. Paulo* 38 (1): 31-42.
- Taylor, W., Menezes, N. 1978. Familia Ariidae. En: W. Fischer (Ed.), Guía FAO, para la identificación de especies para los fines de pesca. Pacífico centro-oriental Vol. I, FAO, Roma.
- Tilak, R. 1965. The comparative morphology of the osteocranium and the Weberian apparatus of Tachysuridae (Pisces: Siluroidei). *Journal of Zoology* 146: 150-174.
- Tenorio-Colín, G., Rodríguez-Estrada, U., Uribe-Alcocer, M. y Díaz-Jaimes, P. 2010. Phylogenetic relationships among five marine catfish species (Pisces: Ariidae) from México. *Hidrobiológica* 2010, 20 (3): 265-273.
- Uribe-Alcocer, M., Díaz-Jaimes, P. 2000. Fish chromosomes as biomarkers of genotoxic damage and proposal for the use of tropical catfish species for short-term screening

- of genotoxic agents. In: Butterworth F. M., A. Gunatilaka & M. E. Gonsebatt (Eds.) *Biomonitoring and Biomarkers as Indicator of Environmental Change. Vol. II.* Plenum Press, NY. pp. 361-390.
- Velasco, G., Oddone, M. 2004. Growth parameters and growth performance indexes for some populations of marine catfishes (Actinopterygii, Siluriformes, Ariidae). *Acta Biologica Leopoldensia*. Vol. 26. No. 2. P. 307-313.
- Victor, B., Hanner, R., Shivji, M., Hyde, J., Caldwell, C. 2009. Identification of the larval and juvenile stages of the Cubera Snapper, *Lutjanus cyanopterus*, using DNA barcoding. 2009. *Zootaxa* 2215: 24-36.
- Ward, R., Zemlak, T., Innes, B., Last, P., Hebert, P. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Phil. Trans. R. Soc. B* (2005) 260, 1847-1857.
- Weber, M., L. F. de Beaufort. 1913. *The fishes of the Indo-Australian Archipelago. II.-Malacopterygii, Myctophoidea, Ostariophysii: I.-Siluroidea.* E.J. Brill, Leiden. 404 p.
- Da Silva, W., Marceniuk, A., Sales, J., Araripe, J. 2016. Early Pleistocene lineages of *Bagre bagre* (Linnaeus 1766) (Siluriformes: Ariidae), from the Atlantic coast of South America, with insights into the demography and biogeography of the species. *Neotropical Ichthyology* 14(2): e150184, 2016.
- Wiley, E., Siegel Causey, D., Brooks, D., Funk, V. 1991. *The complete cladist: A primer of phylogenetic procedures.* The university of Kansas Museum of Natural History. Special publication No. 19. 159 p.
- Wong, E., Hanner, R. 2008. DNA barcoding detects market substitution in North American seafood. *Food Research International* 41 (2008) 828-837.
- Wong, L., Peatman, E., Lu, J., Kucuktas, H., He, S. *et al.* 2011. DNA Barcoding of Catfish: Species Authentication and Phylogenetic Assessment. *PLoS ONE* 6(3): e17812. doi:10.1371/journal.pone.0017812
- Yáñez-Arancibia, A., Lara-Domínguez, A. 1988. Ecology of three sea catfishes (Ariidae) in a tropical coastal ecosystem-Southern Gulf of Mexico. *Mar. Eco. Progr. Ser.* 49: 215-230.
- Zhang, J., Huang, L., Huo, H. 2004. Larval identification of *Lutjanus* Bloch in Nansha coral reefs by AFLP molecular method. *Experimental Marine Biology and Ecology* 298 (2004) 3-20.

ANEXOS

Tabla 4. Distancias genéticas para “12S”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.

98_Alevin_12S	0,012	0,000	0,000	0,000	0,000	0,005	0,019	0,052	0,052	0,052	0,052	0,061	0,058	0,075	0,064	0,067	0,064	0,046	0,018	0,096	0,046	0,046	0,064	0,012	0,012	0,012	0,020	0,000	0,000	0,000	0,019	
100_Alevin_12S	0,019	0,012	0,012	0,012	0,012	0,014	0,024	0,056	0,056	0,056	0,056	0,064	0,046	0,060	0,051	0,053	0,051	0,043	0,024	0,090	0,043	0,043	0,051	0,000	0,000	0,000	0,026	0,012	0,012	0,012	0,024	
14_Alevin_12S	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,005	0,019	0,052	0,052	0,052	0,052	0,061	0,058	0,075	0,064	0,067	0,064	0,046	0,018	0,096	0,046	0,046	0,064	0,012	0,012	0,012	0,020	0,000	0,000	0,000	0,019	
99_Alevin_12S	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,005	0,019	0,052	0,052	0,052	0,052	0,061	0,058	0,075	0,064	0,067	0,064	0,046	0,018	0,096	0,046	0,046	0,064	0,012	0,012	0,012	0,020	0,000	0,000	0,000	0,019	
102_Alevin_12S	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,005	0,019	0,052	0,052	0,052	0,052	0,061	0,058	0,075	0,064	0,067	0,064	0,046	0,018	0,096	0,046	0,046	0,064	0,012	0,012	0,012	0,020	0,000	0,000	0,000	0,019	
13_Alevin_12S	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,005	0,019	0,052	0,052	0,052	0,052	0,061	0,058	0,075	0,064	0,067	0,064	0,046	0,018	0,096	0,046	0,046	0,064	0,012	0,012	0,012	0,020	0,000	0,000	0,000	0,019	
101_Alevin_12S	0,004	0,025	0,004	0,004	0,004	0,004	0,023	0,060	0,060	0,060	0,060	0,070	0,066	0,084	0,072	0,075	0,072	0,053	0,022	0,111	0,053	0,053	0,072	0,014	0,014	0,014	0,024	0,005	0,005	0,005	0,023	
103_Alevin_12S	0,034	0,048	0,034	0,034	0,034	0,034	0,041	0,038	0,038	0,038	0,038	0,044	0,043	0,071	0,060	0,064	0,060	0,045	0,013	0,082	0,045	0,045	0,060	0,024	0,024	0,024	0,010	0,019	0,019	0,000	0,000	
7_Sciades_seemanni_12S	0,102	0,107	0,102	0,102	0,102	0,102	0,117	0,077	0,000	0,000	0,000	0,005	0,009	0,064	0,055	0,058	0,055	0,085	0,054	0,157	0,085	0,085	0,055	0,056	0,056	0,056	0,055	0,052	0,052	0,052	0,038	
29_Sciades_seemanni_12S	0,102	0,107	0,102	0,102	0,102	0,102	0,117	0,077	0,000	0,000	0,000	0,005	0,009	0,064	0,055	0,058	0,055	0,085	0,054	0,157	0,085	0,085	0,055	0,056	0,056	0,056	0,055	0,052	0,052	0,052	0,038	
28_Occidentarius_platypogon_12S	0,102	0,107	0,102	0,102	0,102	0,102	0,117	0,077	0,000	0,000	0,000	0,005	0,009	0,064	0,055	0,058	0,055	0,085	0,054	0,157	0,085	0,085	0,055	0,056	0,056	0,056	0,055	0,052	0,052	0,052	0,038	
57_Occidentarius_platypogon_12S	0,102	0,107	0,102	0,102	0,102	0,102	0,117	0,077	0,000	0,000	0,000	0,005	0,009	0,064	0,055	0,058	0,055	0,085	0,054	0,157	0,085	0,085	0,055	0,056	0,056	0,056	0,055	0,052	0,052	0,052	0,038	
55_Occidentarius_platypogon_12S	0,117	0,123	0,117	0,117	0,117	0,117	0,133	0,089	0,004	0,004	0,004	0,004	0,012	0,073	0,063	0,067	0,063	0,098	0,063	0,185	0,098	0,098	0,063	0,064	0,064	0,064	0,064	0,061	0,061	0,061	0,044	
60_Occidentarius_platypogon_12S	0,117	0,093	0,117	0,117	0,117	0,117	0,133	0,089	0,014	0,014	0,014	0,014	0,020	0,074	0,062	0,066	0,062	0,098	0,061	0,245	0,098	0,098	0,062	0,046	0,046	0,046	0,060	0,058	0,058	0,043	0,043	
38_Sciades_guatemalensis_12S	0,133	0,107	0,133	0,133	0,133	0,133	0,152	0,133	0,123	0,123	0,123	0,123	0,140	0,140	0,005	0,007	0,005	0,019	0,068	0,125	0,019	0,019	0,005	0,060	0,060	0,060	0,088	0,075	0,075	0,071	0,071	
27_Sciades_guatemalensis_12S	0,117	0,093	0,117	0,117	0,117	0,117	0,133	0,117	0,107	0,107	0,107	0,107	0,123	0,123	0,004	0,005	0,000	0,015	0,057	0,109	0,015	0,015	0,000	0,051	0,051	0,051	0,075	0,064	0,064	0,064	0,060	
26_Sciades_guatemalensis_12S	0,127	0,102	0,127	0,127	0,127	0,127	0,145	0,127	0,117	0,117	0,117	0,117	0,133	0,133	0,009	0,004	0,005	0,017	0,061	0,116	0,017	0,017	0,005	0,053	0,053	0,053	0,079	0,067	0,067	0,067	0,064	
10_Cathorops liropus_12S	0,117	0,093	0,117	0,117	0,117	0,117	0,133	0,117	0,107	0,107	0,107	0,107	0,123	0,123	0,004	0,000	0,004	0,015	0,057	0,109	0,015	0,015	0,000	0,051	0,051	0,051	0,075	0,064	0,064	0,064	0,060	
31_Cathorops liropus_12S	0,089	0,085	0,089	0,089	0,089	0,089	0,102	0,089	0,164	0,164	0,164	0,164	0,185	0,185	0,038	0,031	0,037	0,031	0,043	0,098	0,000	0,000	0,015	0,043	0,043	0,043	0,055	0,046	0,046	0,046	0,045	
16_Cathorops liropus_12S	0,034	0,048	0,034	0,034	0,034	0,034	0,041	0,020	0,102	0,102	0,102	0,102	0,117	0,117	0,133	0,117	0,127	0,117	0,089	0,063	0,043	0,043	0,057	0,024	0,024	0,024	0,021	0,018	0,018	0,018	0,013	
Amblydoras_gonzalezi	0,177	0,169	0,177	0,177	0,177	0,177	0,199	0,157	0,270	0,270	0,270	0,270	0,302	0,380	0,240	0,214	0,230	0,214	0,190	0,122	0,098	0,098	0,109	0,090	0,090	0,087	0,096	0,096	0,096	0,082	0,082	
33_Cathorops liropus_12S	0,089	0,085	0,089	0,089	0,089	0,089	0,102	0,089	0,164	0,164	0,164	0,164	0,185	0,185	0,038	0,031	0,037	0,031	0,000	0,089	0,190	0,000	0,015	0,043	0,043	0,043	0,055	0,046	0,046	0,046	0,045	
36_Cathorops liropus_12S	0,089	0,085	0,089	0,089	0,089	0,089	0,102	0,089	0,164	0,164	0,164	0,164	0,185	0,185	0,038	0,031	0,037	0,031	0,000	0,089	0,190	0,000	0,015	0,043	0,043	0,043	0,055	0,046	0,046	0,046	0,045	
32_Cathorops liropus_12S	0,117	0,093	0,117	0,117	0,117	0,117	0,133	0,117	0,107	0,107	0,107	0,107	0,123	0,123	0,004	0,000	0,004	0,000	0,031	0,117	0,214	0,031	0,031	0,051	0,051	0,051	0,075	0,064	0,064	0,064	0,060	
6_Bagre_pinnimaculatus_12S	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,107	0,164	0,185	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,000	0,000	0,026	0,012	0,012	0,012	0,024	
17_Bagre_pinnimaculatus_12S	0,089	0,085	0,089	0,089	0,089	0,089	0,102	0,089	0,164	0,164	0,164	0,164	0,185	0,185	0,038	0,031	0,037	0,031	0,000	0,089	0,190	0,000	0,015	0,043	0,043	0,043	0,055	0,046	0,046	0,046	0,045	
8_Bagre_pinnimaculatus_12S	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,107	0,164	0,185	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,000	0,000	0,026	0,012	0,012	0,012	0,024	
18_Bagre_panamensis_12S	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,107	0,164	0,185	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,000	0,000	0,026	0,012	0,012	0,012	0,024	
11_Bagre_panamensis_12S	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,107	0,164	0,185	0,019	0,000	0,019	0,019	0,019	0,025	0,048	0,107	0,107	0,107	0,000	0,000	0,026	0,012	0,012	0,012	0,024	
4_Bagre_panamensis_12S	0,044	0,060	0,044	0,044	0,044	0,044	0,053	0,019	0,117	0,117	0,117	0,117	0,133	0,133	0,169	0,150	0,163	0,150	0,117	0,044	0,176	0,117	0,117	0,150	0,060	0,060	0,060	0,000	0,020	0,020	0,010	0,010
12_Bagre_panamensis_12S	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004	0,034	0,102	0,102	0,102	0,102	0,117	0,117	0,133	0,117	0,127	0,117	0,089	0,034	0,177	0,089	0,089	0,117	0,019	0,019	0,019	0,044	0,000	0,000	0,000	0,019
3_Bagre_panamensis_12S	0,000	0,019	0,000	0,000	0,000	0,000	0,004	0,034	0,102	0,102	0,102	0,102	0,117	0,117	0,133	0,117	0,127	0,117	0,089	0,034	0,177	0,089	0,089	0,117	0,019	0,019	0,019	0,044	0,000	0,000	0,000	0,019

Tabla 5. Distancias genéticas para “16S”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.

100_Alevin_16S	0,000	0,000	0,000	0,003	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,003	0,003	0,003	0,003	0,009	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010	0,010	0,011	0,010	0,011	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,013	0,019
101_Alevin_16S	0,000	0,000	0,000	0,003	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,003	0,003	0,003	0,003	0,009	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010	0,010	0,011	0,010	0,011	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,013	0,019
102_Alevin_16S	0,000	0,000	0,000	0,003	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,003	0,003	0,003	0,003	0,009	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010	0,010	0,011	0,010	0,011	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,019	
99_Alevin_16S	0,000	0,000	0,000	0,003	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,004	0,003	0,003	0,003	0,003	0,009	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010	0,010	0,011	0,010	0,011	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,019	
103_Alevin_16S	0,003	0,003	0,003	0,003	0,005	0,005	0,005	0,005	0,003	0,003	0,000	0,000	0,000	0,000	0,009	0,009	0,009	0,008	0,010	0,010	0,010	0,010	0,011	0,014	0,014	0,013	0,014	0,014	0,014	0,014	0,019		
14_Alevin_16S	0,006	0,006	0,006	0,006	0,008	0,000	0,000	0,004	0,004	0,006	0,005	0,005	0,005	0,005	0,009	0,009	0,009	0,009	0,011	0,011	0,011	0,012	0,011	0,012	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,018	
13_Alevin_16S	0,006	0,006	0,006	0,006	0,008	0,000	0,000	0,004	0,004	0,006	0,005	0,005	0,005	0,005	0,009	0,009	0,009	0,009	0,011	0,011	0,011	0,012	0,011	0,012	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,018	
7_Sciades_seemanni_16S	0,006	0,006	0,006	0,006	0,008	0,000	0,000	0,004	0,004	0,006	0,005	0,005	0,005	0,005	0,009	0,009	0,009	0,009	0,011	0,011	0,011	0,012	0,011	0,012	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,018	
9_Sciades_seemanni_16S	0,006	0,006	0,006	0,006	0,008	0,006	0,006	0,006	0,004	0,006	0,005	0,005	0,005	0,005	0,010	0,010	0,010	0,010	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,012	0,013	0,013	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,019	
40_Sciades_seemanni_16S	0,006	0,006	0,006	0,006	0,003	0,006	0,006	0,006	0,006	0,004	0,003	0,003	0,003	0,003	0,009	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010	0,010	0,011	0,010	0,011	0,014	0,014	0,014	0,013	0,013	0,013	0,013	0,019	
29_Sciades_seemanni_16S	0,006	0,006	0,006	0,006	0,003	0,011	0,011	0,011	0,011	0,006	0,003	0,003	0,003	0,003	0,009	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010	0,010	0,011	0,010	0,011	0,014	0,014	0,014	0,014	0,014	0,014	0,014	0,019	
26_Sciades_guatemalensis_16S	0,003	0,003	0,003	0,003	0,000	0,008	0,008	0,008	0,008	0,003	0,003	0,000	0,000	0,000	0,009	0,009	0,009	0,008	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,011	0,014	0,014	0,013	0,014	0,014	0,014	0,014	0,019	
27_Sciades_guatemalensis_16S	0,003	0,003	0,003	0,003	0,000	0,008	0,008	0,008	0,008	0,003	0,003	0,000	0,000	0,000	0,009	0,009	0,009	0,008	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,011	0,014	0,014	0,013	0,014	0,014	0,014	0,014	0,019	
38_Sciades_guatemalensis_16S	0,003	0,003	0,003	0,003	0,000	0,008	0,008	0,008	0,008	0,003	0,003	0,000	0,000	0,000	0,009	0,009	0,009	0,008	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,011	0,014	0,014	0,013	0,014	0,014	0,014	0,014	0,019	
57_Occidentarius_platypogon_16S	0,003	0,003	0,003	0,003	0,000	0,008	0,008	0,008	0,008	0,003	0,003	0,000	0,000	0,000	0,009	0,009	0,009	0,008	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,011	0,014	0,014	0,013	0,014	0,014	0,014	0,014	0,019	
60_Occidentarius_platypogon_16S	0,032	0,032	0,032	0,032	0,029	0,032	0,032	0,032	0,038	0,032	0,029	0,029	0,029	0,029	0,000	0,000	0,004	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,013	0,013	0,013	0,015	0,015	0,015	0,015	0,022		
55_Occidentarius_platypogon_16S	0,032	0,032	0,032	0,032	0,029	0,032	0,032	0,032	0,038	0,032	0,029	0,029	0,029	0,029	0,000	0,000	0,004	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,013	0,013	0,013	0,015	0,015	0,015	0,015	0,022		
28_Occidentarius_platypogon_16S	0,032	0,032	0,032	0,032	0,029	0,032	0,032	0,032	0,038	0,032	0,029	0,029	0,029	0,029	0,000	0,000	0,004	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,013	0,013	0,013	0,015	0,015	0,015	0,015	0,022		
10_Cathorops_liropus_16S	0,032	0,032	0,032	0,032	0,029	0,032	0,032	0,032	0,038	0,032	0,029	0,029	0,029	0,029	0,006	0,006	0,006	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,013	0,013	0,012	0,015	0,015	0,015	0,015	0,022		
16_Cathorops_liropus_16S	0,041	0,041	0,041	0,041	0,038	0,047	0,047	0,047	0,047	0,041	0,041	0,038	0,038	0,038	0,050	0,050	0,050	0,050	0,000	0,000	0,003	0,000	0,009	0,014	0,014	0,014	0,016	0,016	0,016	0,016	0,020		
32_Cathorops_liropus_16S	0,041	0,041	0,041	0,041	0,038	0,047	0,047	0,047	0,047	0,041	0,041	0,038	0,038	0,038	0,050	0,050	0,050	0,050	0,000	0,000	0,003	0,000	0,009	0,014	0,014	0,014	0,016	0,016	0,016	0,016	0,020		
36_Cathorops_liropus_16S	0,041	0,041	0,041	0,041	0,038	0,047	0,047	0,047	0,047	0,041	0,041	0,038	0,038	0,038	0,050	0,050	0,050	0,050	0,000	0,000	0,003	0,000	0,009	0,014	0,014	0,014	0,016	0,016	0,016	0,016	0,020		
31_Cathorops_liropus_16S	0,044	0,044	0,044	0,044	0,041	0,050	0,050	0,050	0,050	0,044	0,044	0,041	0,041	0,041	0,053	0,053	0,053	0,053	0,003	0,003	0,003	0,003	0,010	0,014	0,014	0,014	0,016	0,016	0,016	0,016	0,021		
33_Cathorops_liropus_16S	0,041	0,041	0,041	0,041	0,038	0,047	0,047	0,047	0,047	0,041	0,041	0,038	0,038	0,038	0,050	0,050	0,050	0,050	0,000	0,000	0,000	0,003	0,009	0,014	0,014	0,014	0,016	0,016	0,016	0,016	0,020		
8_Bagre_pinnimaculatus_16S	0,047	0,047	0,047	0,047	0,044	0,053	0,053	0,053	0,053	0,047	0,047	0,044	0,044	0,044	0,047	0,047	0,047	0,046	0,035	0,035	0,035	0,038	0,035	0,015	0,015	0,015	0,017	0,017	0,017	0,017	0,021		
17_Bagre_pinnimaculatus_16S	0,059	0,059	0,059	0,059	0,063	0,059	0,059	0,059	0,059	0,066	0,066	0,063	0,063	0,063	0,063	0,056	0,056	0,056	0,053	0,071	0,071	0,071	0,068	0,071	0,078	0,000	0,003	0,011	0,011	0,011	0,011	0,021	
6_Bagre_pinnimaculatus_16S	0,059	0,059	0,059	0,059	0,063	0,059	0,059	0,059	0,059	0,066	0,066	0,063	0,063	0,063	0,056	0,056	0,056	0,053	0,071	0,071	0,071	0,068	0,071	0,078	0,000	0,003	0,011	0,011	0,011	0,011	0,021		
3_Bagre_panamensis_16S	0,063	0,063	0,063	0,063	0,059	0,063	0,063	0,063	0,063	0,063	0,059	0,059	0,059	0,053	0,053	0,050	0,068	0,068	0,068	0,065	0,068	0,075	0,003	0,003	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,021			
4_Bagre_panamensis_16S	0,062	0,062	0,062	0,062	0,065	0,056	0,056	0,056	0,056	0,062	0,068	0,065	0,065	0,065	0,065	0,078	0,078	0,078	0,078	0,094	0,094	0,094	0,090	0,094	0,100	0,044	0,044	0,047	0,000	0,000	0,022		
11_Bagre_panamensis_16S	0,062	0,062	0,062	0,062	0,065	0,056	0,056	0,056	0,056	0,062	0,068	0,065	0,065	0,065	0,065	0,078	0,078	0,078	0,078	0,094	0,094	0,094	0,090	0,094	0,100	0,044	0,044	0,047	0,000	0,000	0,022		
12_Bagre_panamensis_16S	0,062	0,062	0,062	0,062	0,065	0,056	0,056	0,056	0,056	0,062	0,068	0,065	0,065	0,065	0,065	0,078	0,078	0,078	0,078	0,094	0,094	0,094	0,090	0,094	0,100	0,044	0,044	0,047	0,000	0,000	0,022		
18_Bagre_panamensis_16S	0,062	0,062	0,062	0,062	0,065	0,056	0,056	0,056	0,056	0,062	0,068	0,065	0,065	0,065	0,065	0,078	0,078	0,078	0,078	0,094	0,094	0,094	0,090	0,094	0,100	0,044	0,044	0,047	0,000	0,000	0,022		
Amblydoras_gonzalezi	0,113	0,113	0,113	0,113	0,117	0,113	0,113	0,113	0,113	0,113	0,120	0,117	0,117	0,117	0,117	0,145	0,145	0,145	0,141	0,134	0,134	0,134	0,138	0,134	0,141	0,127	0,127	0,130	0,144	0,144	0,144	0,144	

Tabla 7. Distancias genéticas para “ATP 8/6”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.

102_Alevin_ATP 8/6	0,000	0,000	0,000	0,002	0,002	0,002	0,002	0,037	0,037	0,034	0,033	0,035	0,034	0,033	0,022	0,036	0,037	0,037	0,040	0,036	0,034	0,033	0,033	0,030	0,017	0,018	0,017	0,017	0,016	0,014	0,004	0,003	0,065
101_Alevin_ATP 8/6	0,000	0,000	0,000	0,002	0,002	0,002	0,002	0,037	0,037	0,034	0,033	0,035	0,034	0,033	0,022	0,036	0,037	0,037	0,040	0,036	0,034	0,033	0,033	0,030	0,017	0,018	0,017	0,017	0,016	0,014	0,004	0,003	0,065
103_Alevin_ATP 8/6	0,000	0,000	0,000	0,002	0,002	0,002	0,002	0,037	0,037	0,034	0,033	0,035	0,034	0,033	0,022	0,036	0,037	0,037	0,040	0,036	0,034	0,033	0,033	0,030	0,017	0,018	0,017	0,017	0,016	0,014	0,004	0,003	0,065
98_Alevin_ATP 8/6	0,000	0,000	0,000	0,002	0,002	0,002	0,002	0,037	0,037	0,034	0,033	0,035	0,034	0,033	0,022	0,036	0,037	0,037	0,040	0,036	0,034	0,033	0,033	0,030	0,017	0,018	0,017	0,017	0,016	0,014	0,004	0,003	0,065
100_Alevin_ATP 8/6	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,036	0,036	0,034	0,034	0,035	0,035	0,033	0,021	0,035	0,036	0,036	0,039	0,035	0,033	0,032	0,032	0,030	0,017	0,018	0,018	0,018	0,017	0,013	0,004	0,004	0,063
99_Alevin_ATP 8/6	0,002	0,002	0,002	0,002	0,003	0,000	0,000	0,038	0,038	0,035	0,034	0,036	0,035	0,034	0,022	0,035	0,036	0,036	0,039	0,035	0,033	0,034	0,034	0,031	0,017	0,018	0,017	0,017	0,017	0,014	0,004	0,003	0,066
7_Sciades_seemanni_ATP 8/6	0,002	0,002	0,002	0,002	0,003	0,000	0,000	0,038	0,038	0,035	0,034	0,036	0,035	0,034	0,022	0,035	0,036	0,036	0,039	0,035	0,033	0,034	0,034	0,031	0,017	0,018	0,017	0,017	0,017	0,014	0,004	0,003	0,066
14_Alevin_ATP 8/6	0,002	0,002	0,002	0,002	0,003	0,000	0,000	0,038	0,038	0,035	0,034	0,036	0,035	0,034	0,022	0,035	0,036	0,036	0,039	0,035	0,033	0,034	0,034	0,031	0,017	0,018	0,017	0,017	0,017	0,014	0,004	0,003	0,066
13_Alevin_ATP 8/6	0,230	0,230	0,230	0,230	0,226	0,235	0,235	0,235	0,000	0,004	0,023	0,024	0,023	0,025	0,019	0,041	0,042	0,041	0,045	0,040	0,035	0,032	0,032	0,033	0,035	0,035	0,033	0,033	0,034	0,035	0,040	0,039	0,071
9_Sciades_seemanni_ATP 8/6	0,230	0,230	0,230	0,230	0,226	0,235	0,235	0,235	0,000	0,004	0,023	0,024	0,023	0,025	0,019	0,041	0,042	0,041	0,045	0,040	0,035	0,032	0,032	0,033	0,035	0,035	0,033	0,033	0,034	0,035	0,040	0,039	0,071
29_Sciades_seemanni_ATP 8/6	0,209	0,209	0,209	0,209	0,205	0,213	0,213	0,213	0,009	0,009	0,022	0,023	0,022	0,024	0,018	0,040	0,041	0,040	0,044	0,039	0,035	0,030	0,030	0,031	0,032	0,032	0,031	0,031	0,031	0,033	0,037	0,036	0,072
40_Sciades_seemanni_ATP 8/6	0,205	0,205	0,205	0,205	0,209	0,209	0,209	0,209	0,146	0,146	0,136	0,002	0,002	0,003	0,010	0,038	0,037	0,037	0,042	0,037	0,034	0,030	0,030	0,032	0,030	0,030	0,028	0,028	0,029	0,030	0,036	0,035	0,070
38_Sciades_guatemalensis_ATP 8/6	0,213	0,213	0,213	0,213	0,217	0,217	0,217	0,152	0,152	0,142	0,003	0,002	0,003	0,011	0,039	0,038	0,039	0,044	0,038	0,035	0,029	0,029	0,030	0,031	0,031	0,030	0,030	0,030	0,029	0,037	0,036	0,072	
26_Sciades_guatemalensis_ATP 8/6	0,209	0,209	0,209	0,209	0,213	0,213	0,213	0,149	0,149	0,139	0,002	0,002	0,003	0,011	0,039	0,038	0,038	0,044	0,038	0,035	0,030	0,030	0,031	0,031	0,030	0,029	0,029	0,029	0,030	0,036	0,036	0,072	
27_Sciades_guatemalensis_ATP 8/6	0,205	0,205	0,205	0,205	0,209	0,209	0,209	0,159	0,159	0,149	0,007	0,007	0,005	0,011	0,038	0,037	0,038	0,043	0,038	0,035	0,032	0,032	0,034	0,029	0,031	0,029	0,029	0,028	0,029	0,035	0,034	0,074	
57_Occidentarius_platypogon_ATP 8/6	0,129	0,129	0,129	0,129	0,126	0,133	0,133	0,133	0,108	0,108	0,100	0,045	0,049	0,047	0,049	0,031	0,030	0,031	0,035	0,030	0,024	0,024	0,024	0,026	0,025	0,025	0,024	0,024	0,020	0,024	0,023	0,066	
55_Occidentarius_platypogon_ATP 8/6	0,235	0,235	0,235	0,235	0,230	0,230	0,230	0,272	0,272	0,263	0,248	0,258	0,253	0,248	0,201	0,004	0,003	0,006	0,003	0,014	0,041	0,041	0,038	0,040	0,039	0,038	0,038	0,038	0,035	0,039	0,038	0,064	
28_Occidentarius_platypogon_ATP 8/6	0,244	0,244	0,244	0,244	0,239	0,239	0,239	0,272	0,272	0,263	0,239	0,249	0,244	0,239	0,193	0,007	0,004	0,006	0,004	0,014	0,041	0,041	0,037	0,042	0,042	0,041	0,041	0,041	0,034	0,040	0,039	0,064	
60_Occidentarius_platypogon_ATP 8/6	0,239	0,239	0,239	0,239	0,235	0,235	0,235	0,268	0,268	0,258	0,244	0,253	0,249	0,244	0,197	0,003	0,007	0,005	0,003	0,015	0,042	0,042	0,038	0,040	0,040	0,039	0,039	0,039	0,035	0,040	0,039	0,065	
17_Bagre_pinnimaculatus_ATP 8/6	0,268	0,268	0,268	0,268	0,263	0,263	0,263	0,304	0,304	0,293	0,283	0,293	0,288	0,283	0,226	0,018	0,022	0,014	0,006	0,017	0,047	0,047	0,042	0,045	0,044	0,043	0,043	0,044	0,039	0,043	0,042	0,072	
8_Bagre_pinnimaculatus_ATP 8/6	0,239	0,239	0,239	0,239	0,235	0,235	0,235	0,268	0,268	0,258	0,244	0,253	0,249	0,244	0,197	0,005	0,009	0,005	0,020	0,014	0,041	0,041	0,037	0,040	0,039	0,038	0,038	0,039	0,034	0,039	0,038	0,065	
6_Bagre_pinnimaculatus_ATP 8/6	0,222	0,222	0,222	0,222	0,217	0,218	0,218	0,235	0,235	0,235	0,222	0,222	0,226	0,222	0,156	0,081	0,075	0,081	0,102	0,078	0,035	0,035	0,038	0,038	0,038	0,037	0,037	0,037	0,031	0,037	0,036	0,061	
3_Bagre_panamensis_ATP 8/6	0,205	0,205	0,205	0,205	0,201	0,209	0,209	0,209	0,205	0,205	0,185	0,185	0,178	0,182	0,193	0,146	0,253	0,244	0,254	0,293	0,249	0,201	0,000	0,007	0,031	0,032	0,031	0,031	0,031	0,017	0,036	0,035	0,078
12_Bagre_panamensis_ATP 8/6	0,205	0,205	0,205	0,205	0,201	0,209	0,209	0,209	0,205	0,205	0,185	0,185	0,178	0,182	0,193	0,146	0,253	0,244	0,254	0,293	0,249	0,201	0,000	0,007	0,031	0,032	0,031	0,031	0,031	0,017	0,036	0,035	0,078
4_Bagre_panamensis_ATP 8/6	0,185	0,185	0,185	0,185	0,181	0,189	0,189	0,189	0,213	0,213	0,193	0,201	0,193	0,197	0,209	0,160	0,239	0,231	0,240	0,273	0,235	0,231	0,030	0,030	0,030	0,030	0,030	0,030	0,015	0,033	0,032	0,070	
11_Bagre_panamensis_ATP 8/6	0,094	0,094	0,094	0,094	0,097	0,097	0,097	0,097	0,230	0,230	0,209	0,177	0,185	0,181	0,177	0,146	0,262	0,282	0,267	0,303	0,267	0,248	0,189	0,189	0,185	0,004	0,004	0,004	0,002	0,021	0,019	0,018	0,074
18_Bagre_panamensis_ATP 8/6	0,099	0,099	0,099	0,099	0,102	0,102	0,102	0,102	0,226	0,226	0,209	0,177	0,185	0,181	0,185	0,146	0,262	0,282	0,267	0,303	0,267	0,248	0,197	0,197	0,193	0,007	0,002	0,002	0,003	0,022	0,019	0,019	0,073
10_Cathorops_liropus_ATP 8/6	0,094	0,094	0,094	0,094	0,097	0,097	0,097	0,097	0,217	0,217	0,201	0,170	0,177	0,174	0,177	0,139	0,253	0,272	0,258	0,293	0,258	0,239	0,189	0,189	0,185	0,007	0,003	0,000	0,002	0,021	0,019	0,018	0,070
16_Cathorops_liropus_ATP 8/6	0,094	0,094	0,094	0,094	0,097	0,097	0,097	0,097	0,217	0,217	0,201	0,170	0,177	0,174	0,177	0,139	0,253	0,272	0,258	0,293	0,258	0,239	0,189	0,189	0,185	0,007	0,003	0,000	0,002	0,021	0,019	0,018	0,070
32_Cathorops_liropus_ATP 8/6	0,088	0,088	0,088	0,088	0,091	0,091	0,091	0,091	0,222	0,222	0,201	0,170	0,177	0,174	0,170	0,139	0,253	0,272	0,258	0,293	0,258	0,239	0,189	0,189	0,185	0,003	0,007	0,003	0,003	0,021	0,018	0,017	0,072
31_Cathorops_liropus_ATP 8/6	0,070	0,070	0,070	0,070	0,068	0,073	0,073	0,073	0,218	0,218	0,197	0,185	0,178	0,181	0,178	0,114	0,235	0,226	0,230	0,263	0,231	0,197	0,097	0,097	0,083	0,126	0,132	0,126	0,126	0,120	0,015	0,015	0,067
33_Cathorops_liropus_ATP 8/6	0,007	0,007	0,007	0,007	0,009	0,009	0,009	0,009	0,249	0,249	0,226	0,222	0,230	0,226	0,222	0,142	0,253	0,263	0,258	0,288	0,258	0,239	0,222	0,222	0,201	0,105	0,111	0,105	0,105	0,099	0,081	0,002	0,070
36_Cathorops_liropus_ATP 8/6	0,005	0,005	0,005	0,005	0,007	0,007	0,007	0,007	0,244	0,244	0,222	0,217	0,226	0,222	0,217	0,139	0,248	0,258	0,253	0,283	0,253	0,235	0,218	0,218	0,197	0,102	0,108	0,102	0,102	0,097	0,078	0,002	0,068
Amblydoras_gonzalezi	0,418	0,418	0,418	0,418	0,411	0,425	0,425	0,425	0,440	0,440	0,447	0,462	0,470	0,470	0,477	0,419	0,391	0,391	0,398	0,447	0,398	0,379	0,486	0,486	0,440	0,468	0,461	0,446	0,446	0,453	0,433	0,447	0,439

Tabla 8. Distancias genéticas para “COI”. Los análisis se realizaron utilizando el método Kimura 2 parámetros. Todos los gaps fueron eliminados. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA 5.01.

27_Sciades_guatemalensis_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,048	0,048	0,048	0,063	0,067	0,067	0,070	0,062	0,063	0,063	0,063	0,060	0,034	0,048	0,000	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000	
26_Sciades_guatemalensis_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,048	0,048	0,048	0,063	0,067	0,067	0,070	0,062	0,063	0,063	0,063	0,060	0,034	0,048	0,000	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000	
38_Sciades_guatemalensis_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,048	0,048	0,048	0,063	0,067	0,067	0,070	0,062	0,063	0,063	0,063	0,060	0,034	0,048	0,000	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000	
7_Sciades_seemanni_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	j v{	0,048	0,048	0,048	0,063	0,067	0,067	0,070	0,062	0,063	0,063	0,063	0,060	0,034	0,048	0,000	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000
9_Sciades_seemanni_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,048	0,048	0,048	0,063	0,067	0,067	0,070	0,062	0,063	0,063	0,063	0,060	0,034	0,048	0,000	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000	
40_Sciades_seemanni_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,048	0,048	0,048	0,063	0,067	0,067	0,070	0,062	0,063	0,063	0,063	0,060	0,034	0,048	0,000	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000	
29_Sciades_seemanni_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,016	0,048	0,048	0,048	0,063	0,067	0,067	0,070	0,062	0,063	0,063	0,063	0,060	0,034	0,048	0,000	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000	
98_Alevin_COI	0,046	0,046	0,046	0,046	0,046	0,046	0,046	0,040	0,040	0,040	0,066	0,069	0,069	0,072	0,067	0,031	0,031	0,031	0,030	0,031	0,040	0,016	0,050	0,044	0,044	0,044	0,050	0,046	0,050	0,129	0,016	0,016	
103_Alevin_COI	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,140	0,004	0,000	0,039	0,041	0,041	0,039	0,043	0,057	0,057	0,057	0,054	0,025	0,000	0,048	0,074	0,072	0,072	0,072	0,074	0,066	0,074	0,131	0,048	0,048	
101_Alevin_COI	0,170	0,170	0,170	0,170	0,170	0,170	0,170	0,143	0,006	0,004	0,039	0,041	0,041	0,039	0,043	0,060	0,060	0,060	0,057	0,027	0,004	0,048	0,078	0,075	0,075	0,075	0,078	0,070	0,078	0,138	0,048	0,048	
13_Alevin_COI	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,140	0,000	0,006	0,039	0,041	0,041	0,039	0,043	0,057	0,057	0,057	0,054	0,025	0,000	0,048	0,074	0,072	0,072	0,072	0,074	0,066	0,074	0,131	0,048	0,048	
100_Alevin_COI	0,221	0,221	0,221	0,221	0,221	0,221	0,221	0,222	0,132	0,135	0,132	0,003	0,003	0,004	0,008	0,049	0,049	0,049	0,052	0,065	0,039	0,063	0,085	0,093	0,093	0,093	0,085	0,087	0,085	0,144	0,063	0,063	
99_Alevin_COI	0,233	0,233	0,233	0,233	0,233	0,233	0,233	0,234	0,140	0,143	0,140	0,003	0,000	0,003	0,007	0,052	0,052	0,052	0,055	0,067	0,041	0,067	0,090	0,099	0,099	0,099	0,090	0,092	0,090	0,152	0,067	0,067	
14_Alevin_COI	0,233	0,233	0,233	0,233	0,233	0,233	0,233	0,234	0,140	0,143	0,140	0,003	0,000	0,003	0,007	0,052	0,052	0,052	0,055	0,067	0,041	0,067	0,090	0,099	0,099	0,099	0,090	0,092	0,090	0,152	0,067	0,067	
36_Cathorops_liropus_COI	0,245	0,245	0,245	0,245	0,245	0,245	0,245	0,246	0,132	0,135	0,132	0,006	0,003	0,003	0,008	0,050	0,050	0,050	0,052	0,064	0,039	0,070	0,085	0,104	0,104	0,104	0,085	0,087	0,085	0,145	0,070	0,070	
10_Cathorops_liropus_COI	0,225	0,225	0,225	0,225	0,225	0,225	0,225	0,225	0,152	0,155	0,152	0,019	0,016	0,016	0,019	0,053	0,053	0,053	0,056	0,066	0,043	0,062	0,101	0,082	0,082	0,082	0,101	0,104	0,101	0,144	0,062	0,062	
31_Cathorops_liropus_COI	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,109	0,189	0,203	0,189	0,173	0,183	0,183	0,173	0,186	0,000	0,000	0,003	0,052	0,057	0,063	0,055	0,067	0,067	0,067	0,055	0,057	0,055	0,161	0,063	0,063	
33_Cathorops_liropus_COI	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,109	0,189	0,203	0,189	0,173	0,183	0,183	0,173	0,186	0,000	0,000	0,003	0,052	0,057	0,063	0,055	0,067	0,067	0,067	0,055	0,057	0,055	0,161	0,063	0,063	
32_Cathorops_liropus_COI	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,218	0,109	0,189	0,203	0,189	0,173	0,183	0,183	0,173	0,186	0,000	0,000	0,003	0,052	0,057	0,063	0,055	0,067	0,067	0,067	0,055	0,057	0,055	0,161	0,063	0,063	
28_Occidentarius_platypogon_CO	0,207	0,207	0,207	0,207	0,207	0,207	0,207	0,103	0,179	0,193	0,179	0,183	0,193	0,193	0,183	0,197	0,003	0,003	0,003	0,049	0,054	0,060	0,052	0,071	0,071	0,071	0,052	0,054	0,052	0,161	0,060	0,060	
60_Occidentarius_platypogon_CO	0,129	0,129	0,129	0,129	0,129	0,129	0,129	0,117	0,088	0,098	0,088	0,233	0,245	0,245	0,233	0,250	0,185	0,185	0,185	0,176	0,025	0,034	0,058	0,051	0,051	0,051	0,058	0,053	0,058	0,138	0,034	0,034	
57_Occidentarius_platypogon_CO	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,167	0,140	0,000	0,006	0,000	0,132	0,140	0,140	0,132	0,152	0,189	0,189	0,189	0,179	0,088	0,048	0,074	0,072	0,072	0,072	0,074	0,066	0,074	0,131	0,048	0,048	
55_Occidentarius_platypogon_CO	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,046	0,167	0,170	0,167	0,221	0,233	0,233	0,245	0,225	0,218	0,218	0,218	0,207	0,129	0,167	0,069	0,040	0,040	0,040	0,069	0,063	0,069	0,127	0,000	0,000	
60_Occidentarius_platypogon_CO	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,170	0,240	0,256	0,240	0,284	0,298	0,298	0,283	0,334	0,184	0,184	0,184	0,174	0,208	0,240	0,235	0,000	0,270	0,270	0,270	0,007	0,000	0,123	0,069	0,069	
17_Bagre_pinnimaculatus_COI	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,143	0,238	0,254	0,238	0,310	0,326	0,326	0,342	0,285	0,226	0,226	0,226	0,238	0,185	0,238	0,126	0,270	0,000	0,000	0,082	0,092	0,082	0,150	0,040	0,040	
6_Bagre_pinnimaculatus_COI	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,143	0,238	0,254	0,238	0,310	0,326	0,326	0,342	0,285	0,226	0,226	0,226	0,238	0,185	0,238	0,126	0,270	0,000	0,000	0,082	0,092	0,082	0,150	0,040	0,040	
8_Bagre_pinnimaculatus_COI	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,126	0,143	0,238	0,254	0,238	0,310	0,326	0,326	0,342	0,285	0,226	0,226	0,226	0,238	0,185	0,238	0,126	0,270	0,000	0,000	0,082	0,092	0,082	0,150	0,040	0,040	
3_Bagre_panamensis_COI	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,170	0,240	0,256	0,240	0,284	0,298	0,298	0,283	0,334	0,184	0,184	0,184	0,174	0,208	0,240	0,235	0,000	0,270	0,270	0,270	0,007	0,000	0,123	0,069	0,069	
18_Bagre_panamensis_COI	0,219	0,219	0,219	0,219	0,219	0,219	0,219	0,158	0,223	0,239	0,223	0,293	0,308	0,308	0,292	0,344	0,190	0,190	0,190	0,180	0,195	0,223	0,219	0,012	0,308	0,308	0,308	0,012	0,007	0,152	0,063	0,063	
12_Bagre_panamensis_COI	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,235	0,170	0,240	0,256	0,240	0,284	0,298	0,298	0,283	0,334	0,184	0,184	0,184	0,174	0,208	0,240	0,235	0,000	0,270	0,270	0,270	0,000	0,012	0,123	0,069	0,069	
Amblydoras_gonzalezi	0,445	0,445	0,445	0,445	0,445	0,445	0,445	0,459	0,468	0,488	0,468	0,501	0,523	0,523	0,500	0,509	0,547	0,547	0,547	0,548	0,480	0,468	0,445	0,436	0,523	0,523	0,436	0,511	0,436	0,127	0,127		
11_Bagre_panamensis_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,046	0,167	0,170	0,167	0,221	0,233	0,233	0,245	0,225	0,218	0,218	0,218	0,207	0,129	0,167	0,000	0,235	0,126	0,126	0,126	0,235	0,219	0,235	0,445	0,000	0,000
4_Bagre_panamensis_COI	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,046	0,167	0,170	0,167	0,221	0,233	0,233	0,245	0,225	0,218	0,218	0,218	0,207	0,129	0,167	0,000	0,235	0,126	0,126	0,126	0,235	0,219	0,235	0,445	0,000	0,000