



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES ZARAGOZA

**CÓDIGO DE BARRAS GENÉTICO DE ESPECIES DE
DÍPTEROS NECRÓFILOS DE LA RESERVA ECOLÓGICA
DEL PEDREGAL DE SAN ÁNGEL, CIUDAD DE MÉXICO**

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

BIÓLOGO

P R E S E N T A:

ISABEL TÉLLEZ GARCÍA

DIRECTOR DE TESIS

DR. CARLOS SALVADOR PEDRAZA LARA

ASESOR INTERNO

M. en C. CATALINA MACHUCA RODRÍGUEZ



F.E.S ZARAGOZA, CD. MX., 2018.



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

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

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

El presente trabajo fue realizado en el Laboratorio de Entomología Forense en la Licenciatura en Ciencia Forense, Medicina, UNAM y en el Laboratorio de Biología Molecular de la Biodiversidad en el Instituto de Biología, UNAM; bajo la dirección del Dr. Carlos Salvador Pedraza Lara.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES ZARAGOZA

MÉXICO

2018

i

A mis Maestros, familia y amigos.

AGRADECIMIENTOS

Un trabajo como el que aquí se presenta, por su misma concepción y estructura requiere de un gran esfuerzo por parte del autor que lo realiza, pero además, se necesita de la colaboración de otras personas. Es así, que varios compañeros, profesores e instituciones, me ayudaron decidida y generosamente, con el verdadero afán de contribuir al mejor logro de los fines de este estudio, que son los de ayudar a engrandecer un conocimiento, por lo cual siento una profunda gratitud hacia todos ellos.

Este trabajo fue financiado por medio del Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT) con número de registro IA206917, de título: Diversidad faunística de interés en entomología forense en México, gracias por apoyar y fomentar el desarrollo de la investigación.

Quiero agradecer a la máxima casa de estudios, la Universidad Nacional Autónoma de México, la cual me brindó la oportunidad de desarrollarme tanto académica como cultural y socialmente, permitiéndome conocer y vivir todo lo que rodea a esta gran institución.

A mí querida FES Zaragoza en la que pase los momentos más agradables, nido de muchos que como yo eligieron esta extraordinaria carrera que con mucho orgullo, amor, pasión y respeto representaré.

A la Secretaría Ejecutiva de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel (SEREPSA) particularmente al Dr. Luis Zambrano González, secretario Ejecutivo de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel (REPSA) de la UNAM, periodo 2013-2017 y al Biol. Francisco Martínez Pérez, responsable de la Cantera Oriente, por facilitar el estudio y muestreo de los organismos recolectados en la REPSA.

A la Licenciatura en Ciencia Forense, particularmente a la Coordinadora Dra. Zoraida García Castillo y al Laboratorio de Entomología de dicha licenciatura por permitir la realización de este trabajo y por fungir como una segunda casa de formación profesional.

A mi director de tesis al Dr. Carlos Pedraza Lara, mi más amplio agradecimiento por compartir su tiempo y sus conocimientos, pero sobre todo por la motivación y el apoyo recibido, al igual que por su paciencia y empeño en el desarrollo de este trabajo. Debo agradecer también su amabilidad y disponibilidad durante mi estancia en su grupo de investigación, durante el cual tuve todo el soporte profesional y logístico para alcanzar los objetivos perseguidos.

Al Instituto de Biología, especialmente a la Dra. Patricia Ornelas García por la confianza y apoyo otorgados, la admiro y estimo profundamente. Y a la M. en C. Andrea Rubí Jiménez Marín, por su atenta y efectiva colaboración, durante el desarrollo del trabajo, por el apoyo y facilidades que nos fueron otorgadas en el Laboratorio de Biología Molecular de Zoología.

A mis compañeros del Laboratorio de Entomología Forense; M. en C. Leonardo García Vázquez, M. en C. Magali Espinosa Sánchez, M. en C. Saúl Gómez Sánchez, Biol. Olivia Citlalli Ortiz Rojas, Biol. Stephany Alejandra Rodríguez González, Arturo Coyotecatl Franco, Andrea Nayeli Ortiz Vargas y Viridiana Corona Plascencia, por su gran esfuerzo al recolectar material biológico y montar numerosos ejemplares, por las recomendaciones y comentarios críticos, en especial al Biol. Marco Antonio Garduño Sánchez por su paciencia, siempre generoso y dispuesto, que compartió conocimientos y experiencias de tipo profesional y personal que fueron de gran valor.

A la M. en C. Catalina Machuca Rodríguez por su dedicación y compartir sus conocimientos, confianza y su experiencia. Quiero expresar también mi más sincero agradecimiento al M. en C. Ernesto Mendoza Vallejo, por creer en mí, por la perseverancia y constancia que lo caracterizan y que me ha infundado siempre, por su gran apoyo y motivación para la culminación de mis estudios profesionales.

A los integrantes del jurado: Presidente, M. en C. Carlos Bautista Reyes; Vocal, Dr. Carlos Pedraza Lara; Secretario, M. en C. Catalina Machuca Rodríguez; Suplente, Biól. María Magdalena Ordóñez Reséndiz y Suplente, M. en E.S. María Cristina Alvarado Domínguez, por su tiempo, dedicación y sugerencias, sin duda hicieron de este un mejor trabajo.

Un agradecimiento muy especial merece la comprensión, paciencia y el ánimo recibidos de mi familia, sin su apoyo, colaboración e inspiración habría sido imposible llevar a cabo este paso en mi vida. A mis padres, José Téllez y Ofelia García, a mis hermanos; Eloísa, Adriana, Paulina y Luis por su inspiradora presencia, su cariño y gran amistad. ¡Por ustedes y para ustedes!

A Fernando Flores Bolaños por su serena compañía, amistad y cariño. A Paola Lemus y a Ramiro Cárcamo por todos los momentos agradables que hemos pasados juntos a lo largo de este tiempo.

Son muchas las personas que han formado parte de mi vida profesional a las que me encantaría agradecerles su amistad, consejos, apoyo, ánimo y compañía en los momentos más difíciles de mi vida. Algunas están aquí conmigo y otras en mis recuerdos y en mi corazón, sin importar en donde estén quiero darles las gracias por formar parte de mí, por todo lo que me han brindado y por todas sus bendiciones.

Por mi raza hablará el espíritu



-¿Podrías decirme por favor, que camino debo seguir para salir de aquí?

-Esto depende en gran parte del sitio al que quieras llegar -contestó el gato

-No me importa mucho el sitio -explicó Alicia

-Entonces poco importa el camino que tomes -dijo el gato

-...siempre que llegue a alguna parte -agregó Alicia

-¡Oh! estás seguro de hacer eso -dijo el Gato.-
"si solo caminas lo suficiente".

Lewis Carroll

 Ilustración de John Tenniel

CONTENIDO

DEDICATORIA	<i>ii</i>
AGRADECIMIENTOS	<i>iii</i>
1. INTRODUCCIÓN	2
1.1 Biodiversidad	3
1.2 Insectos	4
1.3 Entomología forense	5
1.4 Dípteros	5
1.5 El uso de insectos en la entomología forense	6
1.6 Etapas de sucesión de fauna cadavérica	7
1.7 Identificación de fauna necrófila	9
1.8 Código de barras de la vida	10
1.9 Especies crípticas morfológicamente	11
1.10 Utilidad del ADN mitocondrial en ciencia forense	12
1.11 Delimitación de especies	13
1.12 Especiación	14
2. ANTECEDENTES	17
2.1 Estudios previos a nivel mundial	17
2.2 Estudios previos en México	19
3. JUSTIFICACIÓN	23
4. HIPÓTESIS	26
5. OBJETIVOS	26
5.1 Objetivo general	26
5.2 Objetivos particulares	26
6. METODOLOGÍA	28
6.1 Muestreo en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel	28
6.1.1 Zona de estudio	28
6.1.2 Muestreo	29
6.1.3 Determinación taxonómica	30
6.2 Extracción de ADN	30
6.3 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y secuenciación	31
6.4 Métodos de delimitación de especies	32
6.5 Elaboración de un catálogo de código de barras de las especies presentes en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel	35
7. RESULTADOS	37
7.1 Riqueza de especies de dípteros necrófilos en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel	37
7.2 Extracción de ADN	39
7.3 Alineamiento	39
7.4 Delimitación de especies	40

7.5 Catálogo de secuencias de ADN de dípteros necrófilos (ver anexo)	50
8. DISCUSIÓN	52
9. CONCLUSIONES	59
10. REFERENCIAS	61
11. ANEXO	78
11.1 Catálogo de secuencias de ADN de dípteros necrófilos	78
11.1.1 Familia Anthomyiidae	78
11.1.2 Familia Calliphoridae	81
11.1.3 Familia Chloropidae	103
11.1.4 Familia Drosophilidae	106
11.1.5 Familia Ephydriidae	108
11.1.6 Familia Fanniidae	109
11.1.7 Familia Muscidae	113
11.1.8 Familia Phoridae	123
11.1.9 Familia Sarcophagidae	130

INTRODUCCIÓN

1

- 1.1 Biodiversidad
 - 1.2 Insectos
 - 1.3 Entomología forense
 - 1.4 Dípteros
 - 1.5 El uso de insectos en la entomología forense
 - 1.6 Etapas de sucesión de fauna cadavérica
 - 1.7 Identificación de fauna necrófila
 - 1.8 Código de barras de la vida
 - 1.9 Especies crípticas morfológicamente
 - 1.10 Utilidad del ADN mitocondrial en ciencia forense
 - 1.11 Delimitación de especies
 - 1.12 Especiación
-

1. INTRODUCCIÓN

La muerte de un ser vivo lleva consigo una serie de cambios y transformaciones físico-químicas, generando un ecosistema dinámico y único, asociado una serie de organismos, que van sucediendo en el tiempo dependiendo del estado de descomposición del cadáver, principalmente insectos necrófilos, los cuales pueden inferir distintos aspectos de utilidad en el trabajo forense, como la estimación del intervalo *post mortem* mínimo (IPMmín) (Joseph *et al.*, 2011).

Derivado de la situación de la entomología forense en México, la cual está en una etapa de desarrollo (Pedraza-Lara, 2016), los estudios de insectos necrófilos del orden Diptera son muy escasos y se tratan en su mayoría de reportes de especies encontradas en ciertas regiones de nuestro país (ver por ejemplo, Molina *et al.*, 2009). Las herramientas taxonómicas desarrolladas hasta ahora para los dípteros necrófilos han sido la base para estos estudios; sin embargo, ante la diversidad reportada de dípteros, es esperable que en muchos casos no sean suficientes para lograr identificaciones robustas ya que en su mayoría han sido hechas para otras regiones del mundo (ver por ejemplo, Whitworth, 2006). Por lo anterior, es necesario desarrollar herramientas que contribuyan significativamente en la tarea de identificaciones robustas (Jordaens, 2013; Pedraza-Lara y Vergara-Pineda, 2017).

Uno de los enfoques que ha recibido mayor atención internacional en los últimos años es la identificación molecular y la delimitación de especies de interés forense (De Jesús *et al.*, 2018). El código de barras de la vida es un sistema basado en secuencias de ADN para delimitar especies, resolver problemas taxonómicos y brindar soporte a los programas de investigación sobre biodiversidad, ha resultado especialmente eficaz cuando existe un escaso conocimiento sobre la riqueza de especies en grupos altamente diversos (Hebert *et al.*, 2003a, b). Con la finalidad de aportar una herramienta útil para la identificación taxonómica de los dípteros necrófilos en México, en este trabajo se elaboró un código de barras de ADN o “*Barcoding*” a partir de organismos adultos de las especies recolectadas en la Reserva Ecológica del Pedregal en el Valle de México. Este código de barras permitirá la identificación de todos los estadios de vida, por lo que no hay necesidad de esperar al desarrollo del adulto, y los datos genéticos obtenidos pueden compararse en bases de datos que pueden servir de referencia (Pedraza-Lara y Vergara-Pineda, 2017).

1.1 Biodiversidad

La biodiversidad es la variabilidad que existe entre los organismos vivos, se encuentra comprendida en tres principales niveles de complejidad: taxonómica, genética y ecológica (Morrone *et al.*, 1999) (Figura 1). La diversidad genética comprende no sólo la variación genética individual o la correspondiente a una población, sino también la variación genética entre poblaciones. La diversidad ecológica es el número de especies presente y el equilibrio demográfico existente entre ellas en un ecosistema determinado y la diversidad taxonómica es la variedad de especies en un ecosistema, una región o en toda la biosfera (Campbell *et al.*, 2001; Martínez *et al.*, 2014).

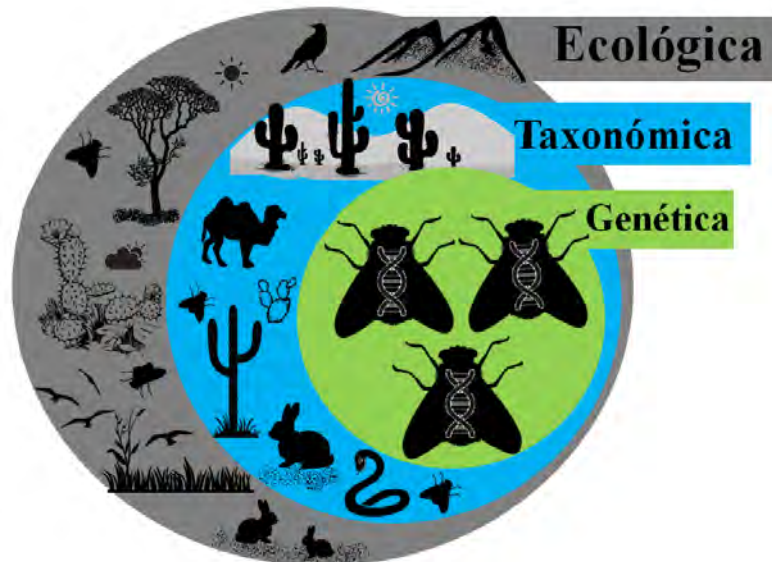


Figura 1. Niveles de estudio de la biodiversidad; diversidad ecológica (diversidad en la comunidad y el ecosistema en el paisaje de una región), taxonómica (diversidad de especies en un ecosistema) y genética (los cromosomas indican la diversidad genética en una población de dípteros). Elaborado con base en Campbell *et al.*, (2001); Pinterest, (2017).

La biodiversidad mundial estimada oscila entre 5 a 10 millones de especies, mientras que el número total de especies formalmente descritas se aproxima a 1.6 millones (Byrd y Castner, 2010; Chapman *et al.*, 2013), la diversidad total de insectos corresponde al 75 % (Chapman *et al.*, 2013).

1.2 Insectos

Los insectos son una clase de animales invertebrados del phylum Arthropoda, conformados en un plan corporal segmentado dividido en tres regiones distintas o tagmas: cabeza, tórax y abdomen (Figura 2a) (Hickman *et al.*, 2006; Chapman *et al.*, 2013). Se caracterizan por presentar un exoesqueleto compuesto principalmente de quitina, la cabeza generalmente lleva un par de ojos compuestos, un par de antenas y tres ocelos, las piezas bucales están formadas por cutícula endurecida y se relacionan con sus hábitos alimentarios. Además, presentan tres pares de patas articuladas. En cuanto al desarrollo, aproximadamente el 88% de las especies de insectos llevan a cabo una metamorfosis holometábola (del griego *holos*, completa + *metabole*, cambio), en la que los procesos fisiológicos de crecimiento (larva) se encuentran separados de los procesos de diferenciación (pupa) y reproducción (adulto), el resto tiene una metamorfosis hemimetábola (del griego *hemi*, medio + *metabole*, cambio) o metamorfosis gradual (incompleta), esta adquiere el desarrollo de adulto por mudas sucesivas de piel, son parecidas al adulto y se diferencian solo por tamaño, sistema reproductor entre otras características (Figura 2b) y la metamorfosis ametábola (del griego *a*, prefijo negativo griego + *metabole*, cambio), sin metamorfosis, es decir, cuando eclosionan en forma de ninfa se parecen a las formas adultas, no presentan cambios significativos en su morfología durante su desarrollo, hasta que llegan a su estado adulto (Figura 2c) (Alfaro, 1998; Chapman *et al.*, 2013).

Los insectos son un grupo que destaca por su diversidad, abundancia y adaptabilidad (Hickman *et al.*, 2006; Byrd y Castner, 2010; Chapman *et al.*, 2013), se organizan en 28 órdenes (Gullan y Cranston, 2014). Morón y Valenzuela-González (1993) estiman que para México existen alrededor de 30 mil especies de dípteros.

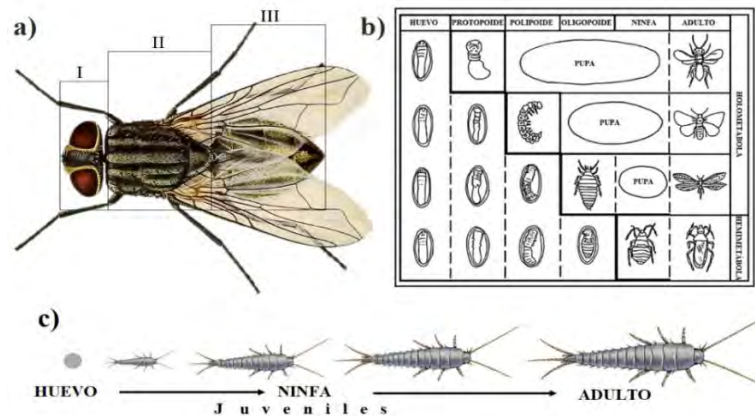


Figura 2. a) Segmentación de *Musca domestica* (Linnaeus, 1758), I; cabeza, II; tórax, III; abdomen. Vista dorsal. Tomado y modificado de Howard (1911); b) tipos de desarrollo embrionario y metamorfosis. Tomado y modificado de Herrera y Etcheverry (1958); c) metamorfosis ametábola de *Lepisma saccharina* (Linnaeus, 1758), presenta desarrollo directo. Elaborado con base en gettyimages (2014) crédito de De Agostini Picture Library.

1.3 Entomología forense

La entomología forense es la ciencia que estudia y aplica el conocimiento de la biología de artrópodos que se relaciona con aspectos legales (Catts y Goff, 1992; Leccese, 2004; Pedraza-Lara y Vergara-Pineda, 2017). La fauna de interés forense incluye a los insectos, ya que representan importantes herramientas en la investigación criminal (Catts y Goff 1992; Erzinçlioğlu, 2000), porque pueden aportar distintos tipos de información, entre ellos la estimación del tiempo de muerte, también llamado intervalo *post mortem* mínimo (IPMmín), el intervalo es un periodo máximo y mínimo desde el momento de la colonización de insectos hasta el descubrimiento de la larva del díptero más antiguo del cadáver (Rivers y Dahlem, 2013; Pedraza-Lara y Vergara-Pineda, 2017), es decir, equivale al tiempo transcurrido entre la muerte y el descubrimiento del cadáver. Además, los insectos pueden aportar información sobre la forma y causa de la muerte, si el cuerpo ha sido trasladado o perturbado, de esta manera se puede asociar a sospechosos con un espacio de investigación (Catts y Goff, 1992; Leccese, 2004 y Joseph *et al.*, 2011).

1.4 Dípteros

El orden Diptera (del griego *di*, dos + *ptera*, alas), contiene 150 familias y 160 mil especies descritas (Domínguez, 1995; Gullan y Cranston, 2014). Los dípteros tienen una cabeza móvil con grandes ojos compuestos y tres ocelos. Las piezas bucales varían según la dieta, ya que están adaptadas para formar relieves, perforar y succionar en la materia orgánica. Sus alas posteriores están reducidas a unas diminutas estructuras membranosas denominadas halterios o balancines que actúan como giroscopios y les ayudan a mantener la estabilidad durante el vuelo, la longitud del cuerpo oscila de 0.5 a 60 mm, con una envergadura de hasta 75 mm (Hickman *et al.*, 2006; Chapman *et al.*, 2013) (Figura 3).



Figura 3. Vista dorsal de *Chrysomya rufifacies* (Macquart, 1842), orden Diptera, conocida comúnmente como mosca verde. Tomado de gettyimages (2017) crédito André De Kesel.

La mayoría de las especies que conforman este enorme y diverso orden juegan un rol funcional en el ecosistema, como polinizadores, parásitos y depredadores, de este modo son vitales para los procesos de descomposición y reciclaje de nutrientes (Chapman *et al.*, 2013). Los dípteros poseen múltiples características por las cuales son significativos en ciencia forense, especialmente en aspectos médico-legales, ya que se encuentran altamente especializados en términos de asociación con los procesos de degradación cadavérica, debido a sus hábitos alimenticios, especialmente las especies necrófagas (que se alimentan directamente de cadáveres en su estado larvario). Además, poseen adaptaciones específicas en términos de morfología y fisiología que les permiten detectar los compuestos químicos producidos por un cadáver a kilómetros de distancia. Por último, tienen una alta capacidad de movilidad y un tamaño pequeño, lo que facilita el acceso a casi cualquier lugar, logrando ser los primeros grupos de artrópodos en arribar a un cadáver (Vanegas, 2006; Byrd y Castner, 2010).

1.5 El uso de insectos en la entomología forense

Existen varias razones para usar insectos en investigaciones forenses. En primer lugar, los insectos se encuentran asociados con las actividades humanas y ocupan casi todos los hábitats terrestres (Byrd y Castner, 2010), por esta razón suelen ser los primeros en encontrar un cadáver en los primeros momentos después de la muerte. De esta manera inicia un reloj biológico y el ciclo de vida de las especies es utilizado para estimar el IPMmín. En segundo lugar, la fauna de artrópodos en y alrededor de un cadáver cambia en una secuencia llamada “sucesión de artrópodos” (Catts y Goff 1992), el cadáver es un recurso temporal que es explotado por una amplia diversidad de organismos, siendo los insectos el grupo más constante, diverso y conspicuo presente en el proceso. Tercero, la fauna en las inmediaciones del cadáver a menudo es ignorada cuando los investigadores procesan el espacio de investigación (Haskell y Williams, 1990; Catts y Goff 1992).

Una gran diversidad de grupos de dípteros pueden aportar información en las investigaciones forenses, debido a la relación que existe entre insectos y el cuerpo en las distintas fases de degradación, estos cambios específicos y dicha relación de la fauna con la progresión de la descomposición de un cadáver cambia con el tiempo, destacando la presencia de las familias Anthomyiidae, Calliphoridae, Chloropidae, Drosophilidae, Ephydriidae, Fanniidae, Muscidae, Phoridae, Sarcophagidae, entre otras (Byrd y Castner, 2010; Molina *et al.*, 2012).

1.6 Etapas de sucesión de fauna cadavérica

La descomposición del cadáver es un proceso continuo que comienza en el punto de la muerte y termina cuando el cuerpo ha sido reducido a un esqueleto (Goff, 2009). Representa un hábitat cambiante que puede sostener y ser explotado por un gran número de microorganismos y comunidades de artrópodos, proporcionando una red de interacciones complejas (Wells y Greenberg, 1992; Avila y Goff, 1998), ya que el insecto juega un papel crucial en el comportamiento y la actividad de la tasa de descomposición de materia orgánica (Byrd y Castner, 2010). La sucesión ecológica se refiere a los cambios progresivos en la estructura o composición de una comunidad biótica a través del tiempo, se encuentra influenciada por una variedad de factores, que incluyen dinámicas inter e intraespecies, condiciones ambientales, ocurrencias aleatorias, etc. El cadáver y todos sus habitantes, junto con el entorno existente, es una comunidad ecológica compleja porque incluye no solo factores abióticos (por ejemplo, materia y energía), sino también factores bióticos (por ejemplo, genes, células, tejidos, órganos, organismos, poblaciones, comunidades) (López *et al.*, 2006; Byrd y Castner, 2010).

Por lo tanto, la fauna necrófila se compone de una alta diversidad de grupos, ya que el fenómeno de descomposición es un proceso de sucesión complejo y la riqueza de especies que arriban a un sustrato en descomposición se modifica considerablemente a lo largo del proceso. Se considera que, tras la muerte, en condiciones de exposición, ciertos grupos de dípteros actúan como pioneros, ya que pueden llegar al haber transcurrido un tiempo corto (pocos minutos generalmente) y ovopositan en las aberturas naturales del cuerpo y heridas (Smith, 1986; Erzinçlioğlu, 2000; Anderson, 2001). Con el avance del proceso y las modificaciones químicas y físicas, se presentan otras especies de artrópodos que utilizan los restos en descomposición en competencia con especies necrófilas (Sukchit *et al.*, 2015). Diferentes especies pueden ser atraídas por distintos compuestos asociados a distintas etapas de descomposición, lo que probablemente se relaciona con los sustratos que prefieren como alimento, especialmente en las etapas larvales (Gennard, 2012). Los organismos necrófilos se alimentan en directo o se reproducen en y sobre el cadáver, dependiendo de sus preferencias biológicas en el estado de descomposición (Benecke, 2001). No toda la fauna presente en el cadáver se alimenta del mismo (Wolff *et al.*, 2001), de tal forma que cada elemento puede tener un rol funcional o una categorización ecológica.

Considerando lo anterior, diferentes grupos de artrópodos se han clasificado en función de su relación con el proceso de descomposición. Según Smith (1986), se pueden encontrar cuatro categorías funcionales para los artrópodos en el cadáver:

- i) especies necrófilas, se alimentan del cadáver.
- ii) depredadores y parásitos, se alimentan de las especies necrófilas. Este grupo también contiene especies que se alimentan primero del cuerpo y que se convierten en depredadores en etapas posteriores.

- iii) especies omnívoras, se alimentan del cadáver y otros artrópodos como hormigas, avispas y algunos escarabajos, que no son necrófilos obligados, ya que usan el recurso del cadáver como fuente de alimento si está disponible.
- iv) especies incidentales, utilizan el cadáver como una extensión de su entorno.

Los dos primeros grupos son los más relevantes para la entomología forense, no sólo porque se encuentran en abundancia sino también porque son los primeros en colonizar cadáveres, éstos pertenecen al orden Diptera (moscas) y Coleoptera (escarabajos) (Amendt *et al.*, 2004). De esta manera, cuando se conoce el patrón de sucesión de artrópodos (por ejemplo ver Figura 4) y la etapa de descomposición de un cadáver, se puede utilizar el análisis de la fauna de artrópodos con el fin de estimar un IPMmín (Catts y Goff 1992; Sukchit *et al.*, 2015)

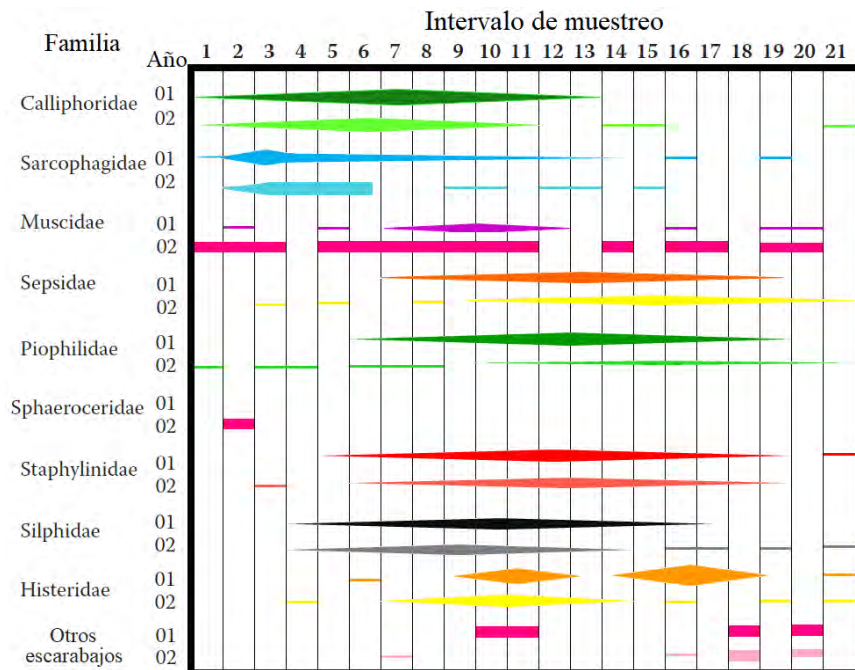


Figura 4. Presencia y abundancia relativa (indicada por el grosor de las bandas) de las familias de insectos encontrados en cadáveres de cerdos en la primavera de 2001 y 2002 en el suroeste de Virginia, EE.UU. El intervalo de muestreo es de un día. Tomado y modificado de Tabor *et al.*, (2005).

1.7 Identificación de fauna necrófila

Tradicionalmente la identificación taxonómica de especies se realiza a través de criterios morfológicos (Rolo *et al.*, 2013); sin embargo, esta estrategia posee varias limitantes que en muchas ocasiones son difíciles de subsanar. En primer lugar, la plasticidad fenotípica en un grupo biológico (como los dípteros), determinada por los posibles cambios en las características morfológicas de un organismo en respuesta a las variables ambientales, puede dificultar la asignación a una especie (Pigliucci *et al.*, 2006; Monaghan *et al.*, 2009). De este modo los caracteres utilizados para el reconocimiento de especies pueden conducir a identificaciones incorrectas, ya que se requiere de un alto grado de especialización en un grupo en particular (familia o subfamilia) para poder identificar cuando una configuración morfológica determinada puede corresponder con una especie distinta (Hebert *et al.*, 2003a). En segundo lugar, este enfoque pasa por alto taxones morfológicamente crípticos, que son comunes en muchos grupos (Knowlton, 1993; Jarman y Elliott 2000), en los cuales la variabilidad morfológica entre especies no es evidente. En tercer lugar, las herramientas que se utilizan para la identificación morfológica, como claves taxonómicas, son a menudo efectivas para un estadio de vida específico, además que es difícil que incluyan la variabilidad de especies ampliamente distribuidas o especies endémicas a regiones escasamente estudiadas (muchas probablemente aún no descritas) (Hebert *et al.*, 2003a).

En algunos casos las claves taxonómicas disponibles para grupos de dípteros de interés forense se encuentran incompletas, como sucede con las claves para determinación de la familia Calliphoridae, que han sido formuladas para especies de ciertas regiones del mundo (Whitworth, 2006; Szpila *et al.*, 2008). Otra limitante de estas herramientas es que la identificación solo es exitosa cuando el individuo estudiado se encuentra en buen estado de conservación, ya que muchos de los caracteres morfológicos importantes para la identificación resultan ser susceptibles a daños (Day y Wallman, 2008), en muchas ocasiones sólo se cuenta con individuos incompletos, o degradados por efectos ambientales o de manejo. Por otra parte, cuando se trata de estadios inmaduros como huevos o larvas, los caracteres definitorios no son suficientemente discriminatorios (Florez y Wolff, 2009), por lo que es necesario el cultivo de los individuos hasta obtener un organismo adulto, lo cual no siempre es posible (Day y Wallman, 2008).

En respuesta a dichas limitantes en los casos de aplicación médico-legal del conocimiento entomológico, se ha fortalecido el uso del ADN como herramienta molecular para la identificación de especies (GilArriortua *et al.*, 2013). Además de asignar organismos a especies conocidas, la codificación de códigos de ADN acelerará el ritmo de descubrimiento de especies permitiendo a los taxónomos clasificar rápidamente especímenes y resaltar taxones divergentes que pueden representar nuevas especies en regiones cuya fauna de interés se encuentre escasamente estudiada. El código de barras de ADN ofrece la oportunidad de expandir y completar en gran medida un inventario global de la diversidad de la vida (Hebert y Gregory, 2005).

1.8 Código de barras de la vida

Una de las herramientas complementarias utilizadas para detectar la presencia de especies crípticas potenciales es mediante el código de barras del ADN (o “*Barcoding*”). El código de barras de la vida emplea una diversidad de secuencias de ADN en regiones cortas y estandarizadas (es decir, una región genética específica), para ayudar a la identificación y descubrimiento de especies en grupos y regiones donde existe una alta riqueza (Hebert *et al.*, 2003a). Se ha encontrado de gran utilidad implementar el uso de marcadores tanto mitocondriales como nucleares (Coleman y Vacquier, 2002), con el fin de resolver problemas de identificación de especies cercanamente emparentadas o que presentan características morfológicas no concluyentes (Cornel *et al.*, 1996; Douglas y Haymer, 2001). Un alto número de estudios previos fundamentan el uso del gen citocromo oxidasa c subunidad I (COXI), como un marcador muy adecuado para la discriminación de especies animales (Ratnasingham y Hebert, 2007). Este fragmento es el más utilizado y se compone aproximadamente de 640 pb de la región 5’ del gen COXI (Hebert *et al.*, 2003a). Esta región es utilizada debido a que generalmente aporta una señal filogenética de amplio rango, mostrando una tasa de mutación conveniente para representar la tasa de divergencia entre especies animales (Savolainen *et al.*, 2005). De hecho, la evolución de este gen es lo suficientemente rápida para permitir la discriminación no sólo de las especies estrechamente relacionadas, sino también de grupos de haplotipos dentro de una misma especie (Cox y Hebert, 2001; Wares y Cunningham, 2001).

La iniciativa del código de barras de la vida tiene como objetivo la delimitación y catalogación de especies, ayudando a detectar especies crípticas o especies cuyas diferencias morfológicas son apenas perceptibles. La delimitación molecular se puede corroborar con datos morfológicos, morfométricos y ecológicos, lo que contribuye a obtener estimaciones realistas de la diversidad, siendo especialmente útil en grupos escasamente estudiados (Ceccarelli *et al.*, 2012).

Esto ha originado que los taxónomos incorporen cada vez más técnicas moleculares para que en sus muestreos puedan detectar o corroborar especies ya descritas, así como para poder diferenciar genéticamente especies que han divergido evolutivamente en periodos recientes o cuando se utilizan caracteres morfológicos para distinguir a las especies, no existe poder de discriminación suficiente. Esto permite contar con un contexto teórico y metodológico robusto, que, combinado con los análisis de los datos de secuencias de ADN, se ha denominado como taxonomía integral (Will *et al.*, 2005). De esta manera podemos integrar mediante un criterio de congruencia diferentes tipos de información para delimitar especies, obteniendo identificaciones más sólidas, lo que contribuye a lograr una taxonomía más estable (Padial *et al.*, 2010).

1.9 Especies crípticas morfológicamente

Las especies crípticas son poblaciones morfológicamente similares, pero reproductivamente aisladas, que pueden diferir en rasgos no evidentes por medio de la morfología. La información que se utiliza tradicionalmente como método de separación de especies son: rasgos fisiológicos, ecológicos o de comportamiento (Bickford *et al.*, 2007; Footitt y Adler, 2009), de este modo podemos establecer una clasificación de los diferentes tipos de caracteres:

- Caracteres morfológicos: externos, anatómicos, embriológicos, citológicos o celulares, y ultra estructurales.
- Caracteres fisiológicos: constantes de crecimiento, regulación de la temperatura, entre otros.
- Caracteres químicos: primarios (ácidos nucleicos y proteínas) y secundarios (pigmentos y alcaloides).
- Caracteres etológicos: pautas de comportamiento durante el cortejo, canto, etc.
- Caracteres ecológicos: hábitat, parásitos, alimentación, etc.
- Caracteres genéticos: esterilidad entre especies afines.
- Caracteres geográficos: referidos al área de distribución, a la distribución altitudinal, etc. (Morrone *et al.*, 1999).

Las especies se forman cuando una población ancestral se ve fragmentada y las poblaciones hijas se ven sujetas a fuerzas evolutivas diferentes. Con el paso del tiempo estas fuerzas producen diversificación diferencial de caracteres en las poblaciones hijas, transformándolas en especies distintas, de manera que estos caracteres nos permiten reconstruir la historia evolutiva de los grupos (Gómez de Silva, 2003). Dado que distintos tipos de caracteres mencionados pueden relacionarse con la generación de especies, no siempre los caracteres morfológicos revelan la historia evolutiva, ni todos los procesos de especiación pueden estudiarse a través de ellos.

Entonces, una buena aproximación para distinguir especies crípticas es la utilización de técnicas moleculares para obtener una discriminación más robusta de las unidades taxonómicas o especies (Bickford *et al.*, 2007; Footitt y Adler, 2009).

La distancia genética es la divergencia existente entre las poblaciones dentro una especie, basada en el conjunto de diferencias en los nucleótidos entre las secuencias estudiadas. Así, las distancias genéticas pequeñas implican pocos cambios nucleotídicos entre las secuencias de ADN, indicando una relación genética estrecha, mientras que distancias genéticas mayores revelan un mayor número de cambios nucleotídicos entre las secuencias de ADN y corresponden por tanto con una relación genética más distante. La distancia genética se puede utilizar para comparar la similitud entre diferentes especies, en términos genéticos (Passarge, 2009). Existen múltiples estudios previos que han encontrado distancias genéticas considerables entre especies indistinguibles con evidencia morfológica, lo que ha permitido el descubrimiento y delimitación de especies.

1.10 Utilidad del ADN mitocondrial en ciencia forense

El ADN mitocondrial (ADNmt) presenta una serie de características útiles para estudios de diversidad, fundamentalmente:

- i) Como el proceso de duplicación del ADN mitocondrial no está sujeto a recombinación, le permite que los cambios que se dan en el ADNmt se deban exclusivamente a mutaciones a lo largo de las generaciones (Galtier *et al.*, 2009).
- ii) La tasa de mutación es elevada (comparada con la tasa de mutación del ADN nuclear) y depende de la velocidad con la que surgen y se fijan las mutaciones en los linajes. De acuerdo con múltiples estudios previos, esta tasa de mutación, suele coincidir con la separación entre especies de insectos (Hebert *et al.*, 2004b); Haag-Liautard *et al.*, 2008 y Papadopoulou *et al.*, 2010).
- iii) Muestra menos probabilidades de estar sujeto a selección, por lo que es factible que los genes que lo componen reflejen la historia evolutiva de las especies.
- iv) La tasa evolutiva del genoma mitocondrial tiene más probabilidades de ser "clock-like", es decir, de mutar a una tasa más o menos constante (Galtier *et al.*, 2009).

Las mitocondrias son la fuente de energía de las células eucariotas y son responsables de la mayor parte de la síntesis celular de adenosin trifosfato (ATP) por fosforilación oxidativa. El genoma mitocondrial animal incluido en los insectos son un pequeño fragmento covalentemente cerrado y circular, de doble cadena. La molécula de ADNmt tiene un tamaño que varía de 16 a 20 kb, donde la falta de intrones y su organización compacta es una de sus características (Garesse y Kaguni, 2005; Saito *et al.*, 2005). El ADN mitocondrial codifica una pequeña cantidad de genes, generalmente 37 en animales que incluyen: 13 subunidades que codifican proteínas (subunidades 6 y 8 de la ATPasa (ATP6 y ATP8), subunidades 1 a 3 del citocromo c oxidasa (COXI–COXIII), citocromo B (CytB), subunidades de NADH deshidrogenasa 1 a 6 y 4L (NDA1-6 y NDA4L) más el ARN ribosómico (rrnS y rrnL) y 22 ARN de transferencia (trnI, trnQ, trnM, trnW, trnC, trnY, trnL1, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnF, trnH, trnT, trnP, trnS2, trnL2, trnV) necesarios para traducir los genes que codifican proteínas (Boore, 1999; Saito *et al.*, 2005 y Hu *et al.*, 2009).

En la mayoría de las especies estudiadas hasta ahora, el genoma mitocondrial posee solo una única región principal no codificante, la cual está implicada en la regulación de la transcripción y el control de la replicación del ADN (Clayton, 1991). Por lo tanto, esta región ha sido designada como "región control", ya que porciones de las moléculas de ADNmt aisladas poseen una estructura de tres cadenas dentro de la región control, formada por emparejamiento, derivado de un segmento de la hebra pesada (H-) (conocida como hebra D-loop) y la hebra ligera (L-), desplazando así la hebra H, como una estructura de bucle. Esta región, generalmente rica en nucleótidos de adenina y timina en insectos, se denomina "región rica en A + T" (Zhang y Hewitt, 1997) (Figura 5).

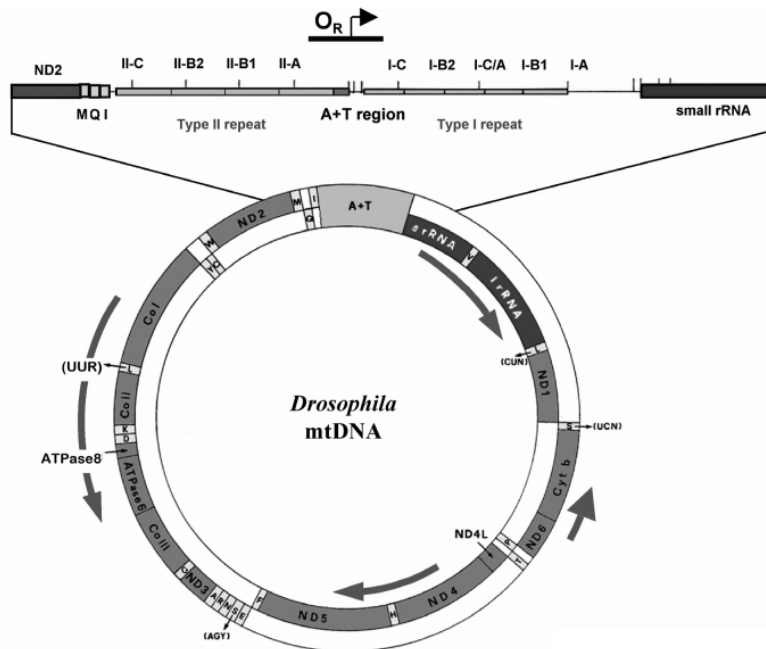


Figura 5. Organización del genoma de ADN mitocondrial de *Drosophila melanogaster*. Tomado de Garesse y Kaguni (2005).

1.11 Delimitación de especies

Los dos objetivos principales de la sistemática son la delimitación de especies y la reconstrucción de sus relaciones filogenéticas (Wiens, 1999; Wiens y Penkrot 2002). Las especies son unidades fundamentales en los estudios de evolución, ecología, filogenia y biología de la conservación (Wiens, 1999; Wiens y Penkrot, 2002). El tema de la delimitación de especies se ha confundido durante mucho tiempo con el de la conceptualización de las especies, creando controversia con respecto tanto a la definición de especie como a los métodos para inferir sus límites y su número (De Queiroz, 2007). De esta manera podemos considerar dos metas principales: (1) descubrir y describir especies y (2) determinar las relaciones filogenéticas de las mismas (Wiens, 2007). Una posible definición de especie podría ser:

“una especie es el grupo más pequeño diagnosticable de organismos dentro del cual hay un patrón parental de ascendencia y descendencia (Cracraft, 1983)”.

De esta manera, cada especie estaría caracterizada por una combinación única de caracteres que permitiría discernirla entre las demás. Con base en la inferencia filogenética, la información morfológica y de secuencias de ADN puede ser integrada y utilizada para delimitar especies (monofilia, concordancia con la geografía, etc.) (Wiens y Penkrot, 2002).

Por lo anterior, se puede lograr un concepto integral de especie tratándola como un linaje la cual es posible detectar mediante criterios operacionales relevantes para evaluar la separación del linaje (De Queiroz, 2007).

Frost y Kluge (1994) y Mayden (1997) distinguieron los conceptos de especies primarias y secundarias. El concepto primario se refiere a las especies, mientras que los conceptos secundarios son los métodos operacionales para el descubrimiento de las mismas (Sites y Marshall, 2003). De Queiroz *et al.*, (1998) amplió esta idea y observó que todas las definiciones de especies modernas igualan explícita o implícitamente a las especies con "segmentos de linajes evolutivos a nivel de población", lo denominó como un concepto general de linaje de las especies. El concepto unificado de especie para la delimitación tiene varias consecuencias. Primero, los temas de conceptualización y delimitación de especies están claramente separados. Segundo, los criterios operaciones de especies secundarias (por ejemplo, entrecruzamiento, aislamiento reproductivo, fertilización o reconocimiento de pareja, nicho o zona adaptativa, evolución, intercambiabilidad genética o demográfica, monofilia, coalescencia exclusiva de alelos etc.), son relevantes para la delimitación de especies en la medida en que proporcionan evidencia de separación de linajes. En tercer lugar, la presencia de cualquiera de las propiedades (si se interpreta adecuadamente) es evidencia de la existencia de una especie, dando lugar a más líneas de evidencia y por lo tanto mayor grado de corroboración. En cuarto lugar, y quizás lo más significativo, un concepto unificado de especie cambia el énfasis de los criterios de especies tradicionales, alentando a los biólogos a desarrollar nuevos métodos de delimitación de especies que no estén vinculados a esas propiedades (De Queiroz, 2007).

1.12 Especiación

Uno de los fundamentos de la diversidad es la generación de nuevas especies. Es importante reconocer el proceso de especiación cuando se intenta delimitar especies en un grupo biológico, porque los métodos de delimitación se basan generalmente en la distinción de una o varias características que emergen como resultado de este proceso. El proceso de especiación puede representarse esquemáticamente, de acuerdo al concepto de linaje general de especies, como una sola línea o rama que se divide en dos linajes (De Queiroz *et al.*, 1998), es decir, la especiación es el proceso de la separación de linajes (De Queiroz, 2007).

La especiación puede conceptualizarse en términos de los mecanismos evolutivos generales: mutación, selección natural, migración (o la falta de ella) y deriva génica. Es importante notar que los cambios en estos caracteres conducen a la adquisición de un número de propiedades diferentes por linajes divergentes y que estos cambios no ocurren todos al mismo tiempo ni en orden regular (De Queiroz *et al.*, 1998) (Figura 6).

La importancia del término especiación en este trabajo asume que entre los grupos formados existe la probabilidad de que ocurra un proceso de especiación, por lo que el flujo génico entre estos grupos puede existir o ser casi nulo y que probablemente la selección natural, la deriva génica y la mutación actúan de manera diferencial sobre los caracteres de

los individuos. Los caracteres que se toman para reconocer y delimitar especies filogenéticas pueden ser fenotípicos (morfológicos, fisiológicos, bioquímicos o moleculares) o genotípicos, siempre y cuando reflejen una relación ancestral común entre los grupos (Eguiarte *et al.*, 2007).

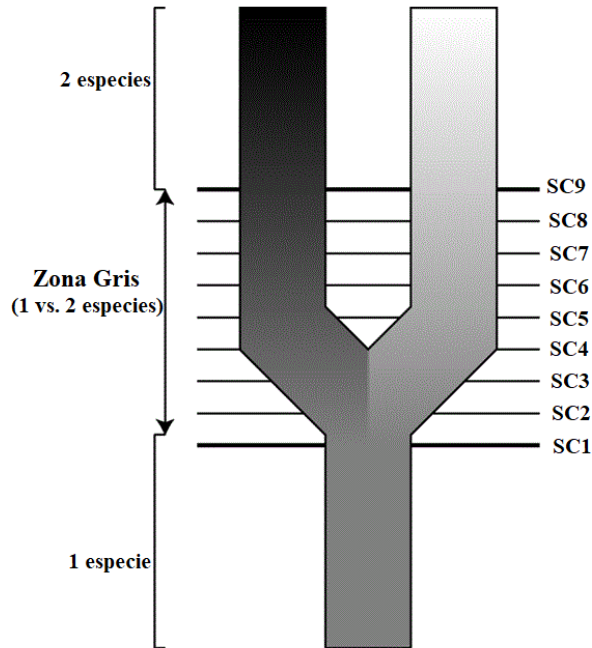


Figura 6. Esquema representativo del proceso de especiación, en el que un linaje (especie inicial) diverge en el tiempo. Se representan dos linajes derivados que divergen a lo largo del tiempo, y las líneas horizontales etiquetadas como SC representan los momentos en que adquieren características diferentes (que se asocian con criterios de especie). El conjunto de propiedades forma una “zona gris,” en la cual distintos conceptos de especie puede satisfacerse, en función del avance en el proceso. Tomado de (Garesse y Kaguni, 2005).

ANTECEDENTES

2

- 2.1 Estudios previos a nivel mundial
 - 2.2 Estudios previos en México
-

2. ANTECEDENTES

2.1 Estudios previos a nivel mundial

El código de barras de ADN fue propuesto por Paul Hebert y colaboradores (Hebert *et al.*, 2003a), planteado un sistema de identificación y descubrimiento de especies usando una sección corta de ADN de una región estandarizada del genoma. La idea central es que esa secuencia de ADN se pueda utilizar para identificar especies y grupos de organismos. Reconociendo el potencial de este enfoque, la Fundación Alfred P. Sloan financió el primer taller exploratorio, titulado "DNA and Taxonomy" por Stoeckle, (2003), el cual se celebró reuniones en el Cold Spring Harbor Banbury Conference Center. En esa reunión se enfatizaron las aplicaciones potenciales de tal técnica para la taxonomía y los beneficios potenciales para la sociedad y se planteó el objetivo de lograr la obtención de códigos de ADN para una amplia gama de grupos taxonómicos. De esta manera se promovió y estableció un organismo formal para la administración y coordinación en el avance del código de barras, denominado Consorcio para el Código de Barras de la Vida (CBOL: Consortium for the Barcode of Life). Junto con centros de investigación de todo el mundo, museos de historia natural y herbarios unieron esfuerzos para el desarrollo del código de barras genético de la vida (Casiraghi *et al.*, 2010; Savolainen *et al.*, 2005).

Con base en esta propuesta para identificar a los seres vivos, se desarrolló un proyecto denominado International Barcode of Life (iBOL), este proyecto tuvo su arranque inicial el 25 de septiembre del 2010 en la ciudad de Toronto, Canadá, centrado en la construcción de una biblioteca de códigos de barras de ADN que incluya la vida eucariótica. La primera fase del Proyecto Internacional de Código de Barras de Vida (iBOL, www.dnabarcoding.org) se propuso como un proyecto de cinco años, administrado conjuntamente por un consorcio de financiadores y grupos de investigación, logrando una adquisición 5,329,000 especímenes registrados, los cuales representan al menos 592,000 especies de códigos de barras.

Las instituciones que lanzan el proyecto referente a códigos de barras de la vida en México son el Instituto de Biología de la UNAM, el Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR) y el Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR), apoyados a través de la Red Temática Códigos de Barras de la Vida en México (MEXBOL), por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) y la Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad (CONABIO). Hoy en día, la Red mencionada está conformada por más de 200 miembros, provenientes de universidades, centros de investigación, instituciones gubernamentales e institutos, ubicados en 25 entidades federativas nacionales y tres internacionales. Dando lugar a la generación de un número considerable de códigos de barras de ADN de organismos distribuidos en el territorio mexicano (cuenta con más de 60 000 registros, representando a más de 5000 especies).

Existen estudios a nivel mundial referentes a la identificación de dípteros de interés forense. Uno de los trabajos pioneros es el llevado a cabo por Saigusa *et al.*, (2005), en el cual se utilizó un fragmento de 304 pb del citocromo c oxidasa I (COXI) para la identificación

de ocho especies de importancia forense, seis pertenecientes a la familia Calliphoridae, demostrando la utilidad del gen COXI para la identificación de estados inmaduros. Las secuencias de COXI de cada especie presentaron un único haplotipo distinguible de las otras, y se concluyó además que la identificación con esta herramienta es simple, ahorra tiempo y elimina la necesidad de esperar la eclosión de ejemplares adultos. A nivel mundial se han llevado a cabo estudios similares, los cuales han validado la utilización del gen COXI como marcador adecuado para la identificación y delimitación de especies de importancia forense (Tabla 1).

Tabla 1. Estudios relevantes a nivel mundial en los que se han utilizado códigos de barras genéticos para la identificación de dípteros de interés forense

País	Estudio	Conclusión
Australia	(Wallman y Donnellan, 2001)	El análisis de las secuencias COXI y COXII reveló abundantes sustituciones nucleotídicas filogenéticamente informativas que podrían identificar las especies de moscas al grupo de especies. Los datos moleculares apoyan la separación del grupo de especies existente de los taxa dentro de Calliphoridae.
Taiwán	(Chen <i>et al.</i> , 2004)	Se identificaron ocho especies: <i>Chrysomya megacephala</i> , <i>Chrysomya pinguis</i> , <i>Chrysomya rufifacies</i> , <i>Hemipyrellia ligurriens</i> , <i>Lucilia bazini</i> Séguy, <i>Lucilia cuprina</i> , <i>Lucilia hainanensis</i> y <i>Lucilia prophyrina</i> .
Japón	(Saigusa <i>et al.</i> , 2005)	Las secuencias de COXI de <i>L. sericata</i> fueron completamente idénticas a las secuencias de referencia, además las ocho especies analizadas fueron únicas y distinguibles entre sí, aunque eran considerablemente homólogas.
Reino Unido	(Ames <i>et al.</i> , 2006)	Se localizaron diecisiete diferencias interespecíficas en la secuencia de COXI, lográndose distinguir <i>C. vicina</i> entre <i>C. vomitoria</i> .
Italia	(Alessandrini <i>et al.</i> , 2008)	El análisis de ADNmt identificó siete especies de Díptera: <i>Calliphora vicina</i> (47), <i>Lucilia sericata</i> (35), <i>Sarcophaga Crassipalpis</i> (3), <i>sarcophaga argyrostoma</i> (5), <i>Chrysomya Albiceps</i> (5), <i>Phormia regina</i> (2), <i>Musca domestica</i> (3) con identidad de secuencia entre 97 y 100%, debido a variaciones intraespecíficas y geográficas.
Brasil	(Kosmann, 2009)	Se identificaron dípteros de interés forense de las familias Calliphoridae y Muscidae, 12 especies totales. Las diferencias entre los géneros fueron mayores que el 3% en todos los casos.
Malasia	(Tan <i>et al.</i> , 2010)	Diecisiete especies de importancia forense se agruparon con éxito en clados distintos en los seis grupos de especies: <i>Peregrina</i> , <i>Albiceps</i> , <i>Dux</i> , <i>Pattoni</i> , <i>Princeps</i> y <i>Ruficornis</i> .

Tabla 1. Continuación

Portugal	(Oliveira <i>et al.</i> , 2011)	Los fragmentos de COXI permitieron la identificación correcta de los especímenes para todas las moscas, excepto para <i>Lucilia caesar</i> debido a la alta similitud con <i>Lucilia illustris</i> .
Alemania	(Boehme <i>et al.</i> , 2012)	La variación intraespecífica fue de 0 a 1,17% y la variación interespecífica ocurrió entre 1,17% y 15,21%. Aunque las diferencias dentro de las especies fueron generalmente menores que entre las especies, los porcentajes de divergencia se superponen debido a la baja divergencia de nucleótidos.
México	(Gallegos <i>et al.</i> , 2012)	Para la identificación o caracterización de insectos se emplearon secuencias del gen mitocondrial citocromo oxidasa I (COXI), los autores concluyen que puede servir como el fundamento de un sistema de bioidentificación.
Colombia	(Solano <i>et al.</i> , 2013).	Se obtuvieron fragmentos de 545 pb; los valores de distancia intraespecífica, oscilaron entre 0% y 2,904% y los de distancia interespecífica entre 0,188% y 18,07%, observándose un solapamiento de distancias, ocasionado principalmente por la inclusión de especies con solo una secuencia.
Portugal	(Rolo <i>et al.</i> , 2013)	Todos los especímenes fueron identificados correctamente a nivel de especie con un alto porcentaje de similitud de muestra (99 - 100%). Las secuencias se compararon con la herramienta de búsqueda BLAST en línea con el fin de confirmar los resultados BOLD y para descartar identificaciones erróneas.
Tailandia	(Zajac <i>et al.</i> , 2016)	Encontraron que la región de códigos de barras utilizada es el (COXI), así como una región de 1000 pb de largo de la 28S nuclear rRNA gen. Se utilizó para analizar y establecer el código de barras molecular de 13 especies diferentes de moscas de relevancia en el norte de Tailandia.

2.2 Estudios previos en México

Un estudio reportado en México sobre identificación de dípteros de importancia forense que utiliza la metodología de códigos de barras de la vida, corresponde al desarrollado por Gallegos *et al.*, (2012), en este trabajo se propuso el uso de un análisis molecular para evaluar identificaciones posibles de los insectos. El ADN se usó para la amplificación COXI usando los cebadores LCO (5'-GGTCAACAAATCATAAAGA TATTGG-3') y HCO (5'- TAAACTTCAGGGTGACCAA AAAATCA-3') que amplifican un fragmento de 658 pares de bases. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con la base de datos NCBI usando el algoritmo de BLAST. Los géneros arrojados por el banco de datos según las secuencias obtenidas fueron: *Casinarina* sp. (Hymenoptera: Ichneumonidae), *Carcelia* sp. (Diptera: Tachinidae) y *Perilampus* sp. (Hymenoptera: Perilampidae).

En México, la entomología como disciplina científica se ha desarrollado en distintos ámbitos como en taxonomía y sistemática, permitiendo el conocimiento de la biodiversidad en casos o estudios de regiones específicas. Sin embargo, la entomología forense, en cuanto a su aplicación, es relativamente reciente ya que cuenta con escasa información de la diversidad de distintas regiones, lo cual ha impactado en el desarrollo de esta disciplina (Molina, 2009).

Los estudios de dípteros en México son limitados y se restringen a temas relacionados con salud, alimentación y agricultura entre otros (Molina, 2009; Vergara-Pineda *et al.*, 2009). Dentro de los primeros estudios sobre dípteros necrófilos se encuentran los reportados en la enciclopedia Biología Centrali-Americana (Wulp, 1888-1903), en donde se reconocen cinco géneros de la familia Sarcophagidae en México (Vergara-Pineda *et al.*, 2009).

La Sociedad Mexicana de Entomología, A. C. (SME) se fundó el 29 de enero de 1952, la cual organizan los Congresos Nacionales de Entomología y, cuenta con publicaciones en *Folia Entomológica Mexicana Nueva Serie*; *Entomología Mexicana* (revista científica a partir de 2014); *Boletín de la Sociedad* y otros medios impresos. Se ha constituido como un foro en donde se han presentado trabajos de investigación que contemplan aspectos básicos de la entomología forense en México, como el uso de los insectos para distintos aspectos como la estimación del tiempo de muerte (De la Barrera-Escamilla, 1999), la sucesión de especies de artrópodos en modelos animales (Anguiano y Quiroz-Rocha, 2006; Flores *et al.*, 2008a; Martínez *et al.*, 2007; Valdés *et al.*, 2008), la distribución, descripción y registro de especies de dípteros necrófilos en localidades específicas en México (Vázquez *et al.*, 2007; Villamil *et al.*, 2007; Flores *et al.*, 2008a; Quiroz *et al.*, 2008) los ciclos de vida de especies relacionadas con la degradación cadavérica (González *et al.*, 2006), así como la comunicación de casos de interés forense (Quintero *et al.*, 2006) y aplicaciones específicas como el aislamiento de ADN humano a partir de larvas de dípteros (Hernández *et al.*, 2007, Nava *et al.*, 2008). Los estudios relacionados con la diversidad de dípteros de interés forense en México se enlistan en la Tabla 3. Entre las aportaciones más importantes se encuentra el trabajo de Molina *et al.*, (2006), que reportan la distribución de los dípteros sarcosaprófagos de interés forense recolectados de cadáveres humanos ubicados en la Ciudad de México, a lo largo de un período de siete años. En ese estudio se identificaron 27 especies de dípteros pertenecientes a 11 familias, con una distribución uniforme en las distintas delegaciones de la ciudad. Las familias con mayor representatividad son Calliphoridae, Muscidae y Sarcophagidae, donde se asociaron ya que con mayor frecuencia fueron encontrados en los casos forenses analizados. Los datos obtenidos a través de este análisis han sido de utilidad para la estimación y el diagnóstico del IPMmín, en el proceso de investigación forense (Tabla 2).

Tabla 2. Estudios que reportan especies de dípteros de interés forense en México.

Estudio	Localidad	Familias reportadas
(Morón y Terrón, 1984)	Hidalgo	Phoridae, Drosophilidae, Calliphoridae y Sarcophagidae
(Deloya <i>et al.</i> , 1987)	Morelos	Phoridae, Drosophilidae, Calliphoridae, Sarcophagidae, Muscidae, Tephritidae, Cecidomyiidae, Sphaeroceridae, Sciaridae y Tipulidae
(Pereda-Breceda <i>et al.</i> , 2012)	Durango	Muscidae, Sarcophagidae y Calliphoridae
(Molina <i>et al.</i> , 2006)	Ciudad de México	Calliphoridae
(Nava <i>et al.</i> , 2008)	Ciudad de México	Calliphoridae y Sarcophagidae
(Flores <i>et al.</i> , 2008a)	Texcoco	Calliphoridae, Fanniidae, Muscidae, Sarcophagidae y Chloropidae
(Flores <i>et al.</i> , 2008b)	Texcoco	Calliphoridae
(Quiroz, <i>et al.</i> , 2008)	Nuevo León	Calliphoridae y Sarcophagidae
(Valdes-Perezgasga <i>et al.</i> , 2009)	Coahuila	Calliphoridae y Sarcophagidae
(Martínez <i>et al.</i> , 2007)	Aguascalientes	Calliphoridae, Muscidae y Piophilidae
(Núñez-Vázquez <i>et al.</i> , 2010)	Coahuila	Calliphoridae
(Molina <i>et al.</i> , 2012)	Ciudad de México	Calliphoridae y Sarcophagidae
(Cruz <i>et al.</i> , 2012)	Michoacán	Phoridae, Drosophilidae, Chloropidae, Muscidae, Calliphoridae, Sarcophagidae, Fanniidae y Cecidomyiidae
(Sánchez-Álvarez y Cupul-Magaña, 2012)	Jalisco	Calliphoridae
(Rivera, 2014)	Coahuila	Calliphoridae
(Zepeda-Cavazos <i>et al.</i> , 2014)	Nuevo León	Calliphoridae, Sarcophagidae, Fanniidae, Muscidae y Piophilidae

JUSTIFICACIÓN

3

3. JUSTIFICACIÓN

En México, los estudios de insectos del orden Diptera son muy numerosos, sin embargo, cuando se trata de grupos de interés forense, los estudios sobre su diversidad suelen ser insuficientes (Magaña, 2001). Además, dado que las herramientas de identificación han sido desarrolladas para otras regiones del mundo, es necesario validar con herramientas adicionales a las morfológicas la diversidad existente. La determinación de especies de insectos que colonizan el cuerpo constituye un primer paso fundamental para aplicaciones forenses (Gennard, 2012; Pedraza-Lara, 2016); sin embargo, existen dificultades para la identificación y delimitación de especies de estos grupos, como el insuficiente trabajo taxonómico hecho con dípteros para el país y la presencia de posibles especies crípticas morfológicamente (lo que es común en muchos grupos de dípteros). Para calcular el IPMmín y otras aplicaciones médico-legales a través de la entomofauna, se deben conocer las especies de dípteros presentes en el espacio geográfico y contar con colecciones y bases de datos de referencia como material de comparación (Nuñez *et al.*, 2016).

Las limitaciones inherentes a los sistemas de identificación, como lo son las claves taxonómicas y el reducido número de taxónomos, señalan la necesidad de un nuevo enfoque para el reconocimiento de taxones (Hebert *et al.*, 2003a). La catalogación y descripción de las especies se encuentra lejos de alcanzarse, lo que ha sido atribuido a dos principales razones que conforman el llamado “impedimento taxonómico”, la primera es la cantidad insuficiente de taxónomos (los especialistas que detectan, describen y catalogan la diversidad de especies), quienes generalmente se enfrentan a la devaluación de la diversidad por las civilizaciones humanas, y la segunda es la cantidad insuficiente de recursos que se pueden adquirir para estudios que detectan y catalogan la diversidad de especies (De Jesús *et al.*, 2018).

El código de barras de la vida es un sistema basado en secuencias de ADN para ubicar taxonómicamente organismos, así como para brindar soporte a los programas de investigación sobre biodiversidad y para resolver problemas taxonómicos (Hebert *et al.*, 2003a, b). La delimitación de especies se basa en estos métodos, lo cual nos permite contar con un contexto teórico y metodológico robusto que proporcione identificaciones de especies sólidas (Padial *et al.*, 2010), lo que es fundamental para asegurar que todo proceso legal que ha usado información de especies pueda sustentarse en el tiempo. La identificación y delimitación de especies con información molecular además, contribuye a revalorizar las colecciones biológicas, así como a acelerar el inventario de la biodiversidad (Lanteri, 2007).

En respuesta a esta situación, en este trabajo se plantea la obtención y el análisis de códigos de barras de la vida para la delimitación de especies de dípteros necrófilos como base para proveer material de referencia taxonómica. Se pretende, por tanto, estudiar la diversidad de especies de un grupo cuya diversidad y taxonomía en nuestro país han sido poco estudiadas usando una estrategia en una región determinada, la Reserva Ecológica del Pedregal San Ángel, Ciudad de México. Es importante que se haya escogido esta zona, ya

que se encuentra en una región para la cual existe una evaluación de la riqueza previa, lo cual puede ser usado para evaluar la utilidad de esta herramienta para conocer la diversidad de dípteros necrófilos. De ser útil, esta estrategia puede ser aplicada para estudiar esta fauna, que es escasamente conocida en otras regiones del país.

Actualmente, las filogenias construidas con datos moleculares permiten la incorporación de las técnicas de secuenciación de ADN, proporcionando la identificación taxonómica para una muestra, con la finalidad de poder inferir las relaciones de afinidad y parentesco, así como, de ancestría o descendencia de los taxones (por ejemplo, permiten, establecer las tasas de especiación o de extinción), existiendo una tendencia hacia la utilización simultánea de caracteres morfológicos usando herramientas moleculares (Blaxter *et al.*, 2005; Eguiarte *et al.*, 2007). Mediante niveles de organización se puede clasificar y especificar no sólo las especies, sino las poblaciones, los genes, los organismos individuales, etc., los cuales se denominan, unidades taxonómicas operacionales (OTUs por sus siglas en inglés), estos pueden ser ordenados en una clasificación y construcción de un árbol filogenético, para conocer e interpretar la secuencia de cambios que ha sufrido una característica a través de la historia del linaje de los organismos que la poseen (Eguiarte *et al.*, 2007).

HIPÓTESIS

OBJETIVOS

5.1 Objetivo general

5.2 Objetivos particulares

4

5

4. HIPÓTESIS

- Dado que los códigos de barras han probado ser útiles para catalogar y delimitar especies en otros grupos de fauna, la determinación taxonómica de dípteros necrófilos mediante marcadores genéticos (COXI) permitirá obtener una representación de la riqueza y delimitar las especies a las que pertenecen los especímenes recolectados en la zona de estudio.

5. OBJETIVOS

5.1 Objetivo general

- Establecer un sistema de código de barras de ADN con base en información mitocondrial para la identificación y delimitación de especies de dípteros necrófilos presentes en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel.

5.2 Objetivos particulares

- Obtener una representación de la riqueza de especies de dípteros necrófilos mediante su muestreo en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel.
- Delimitar las especies recolectadas usando métodos de delimitación de especies.
- Elaborar un catálogo de código de barras de las especies presentes en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel, asociado a su identificación.

METODOLOGÍA

6

6.1 Muestreo en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel

6.1.1 Zona de estudio

6.1.2 Muestreo

6.1.3 Determinación taxonómica

6.2 Extracción de ADN

6.3 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y Secuenciación

6.4 Métodos de delimitación de especies

6.5 Elaboración de un catálogo de código de barras de las especies presentes en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel

6. METODOLOGÍA

6.1 Muestreo en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel

6.1.1 Zona de estudio

El muestreo entomológico se llevó a cabo durante los meses de abril a noviembre de 2016, tres veces por semana, en la Cantera Oriente (A3), que forma parte de la zona de amortiguamiento nivel 1 de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel (REPSA). La REPSA se encuentra localizada entre las coordenadas geográficas 19°18'21''–19°20'11'' Norte y 99°10'15''–99°12'4'' Oeste, tiene una superficie total de 7 hectáreas, 4836 m², está a una altitud entre 2254 y 2292 m; es habitada por al menos 1500 formas de vida nativas adaptadas a las condiciones naturales del sur de la Cuenca de México (SEREPSA, 2008) (Figura 7).

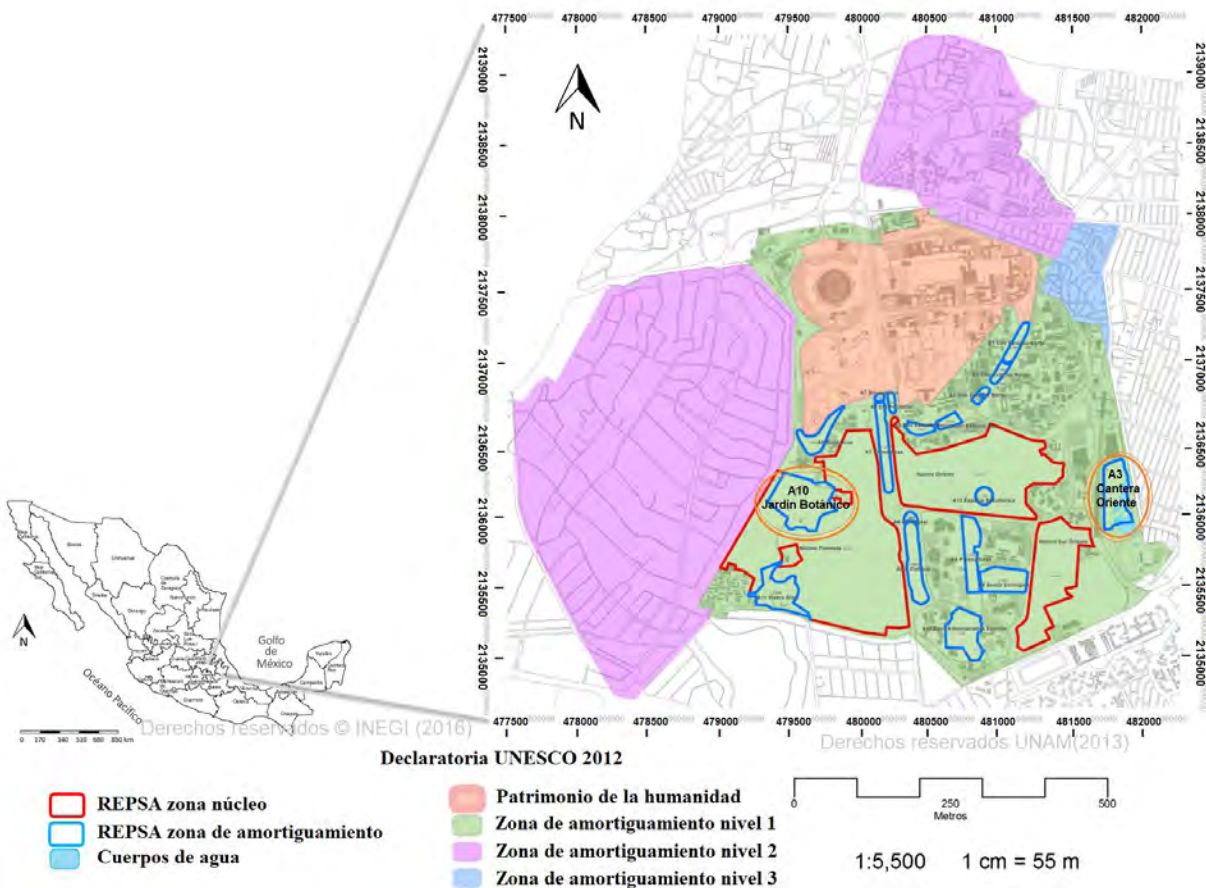


Figura 7. Mapa del área correspondiente a la REPSA del Campus central de Ciudad Universitaria (UNAM). Área rosa: zona núcleo; área verde: zona de amortiguamiento nivel 1; área morada: zona de amortiguamiento nivel 2; área azul: zona de amortiguamiento nivel 3. Poligonal de la REPSA: zonas núcleo (delimitación en rojo), zonas de amortiguamiento (delimitación en azul). La zona de estudio se encuentra delimitada por un círculo naranja. Tomado y modificado de REPSA (2013) e INEGI (2016).

A causa de los accidentados sucesos derivados de la utilización de la Cantera Oriente, en 1997 se llevaron a cabo acciones de recuperación con la introducción de elementos florísticos en general de especies exóticas establecidas para la restauración del sitio, el tipo de vegetación es principalmente matorral xerófilo de alta elevación, la familia Asteraceae cuenta con mayor número de especies (74 aproximadamente) (Castillo-Argüero *et al.*, 2007); la comunidad vegetal característica y extendida de la zona se encuentra representada por *Senecio praecox* (H. Rob. y Brettell), *Buddleia cordata* (Kunth) y *Bromus catharticus* (Vahl), además cuenta con un sustrato escaso y poco profundo, se encuentra conformado por roca volcánica originaria de la erupción del volcán Xitle aproximadamente hace 1670 años (Rzedowski, 1954; Lot, 2007; Castillo-Argüero *et al.*, 2007).

El clima es templado subhúmedo y presenta una temperatura media anual de 15.6 °C, con lluvias en verano [Cb (w1) w] de acuerdo con la clasificación de Köppen modificada por García (1964). La época lluviosa sucede de junio a octubre, con una precipitación media anual de 833 mm y la época seca ocurre de noviembre a mayo (REPSA, 2013).

6.1.2 Muestreo

Para la recolección de dípteros necrófilos se utilizaron dos tipos de trampas aéreas, con un total de ocho trampas instaladas, cubriendo la diversidad de posibles mesohábitats, de acuerdo a la cobertura de la vegetación. Las trampas utilizadas son una adaptación del modelo descrito por Kozlov y Whitworth (2002) (Figura 8), fueron construidas con envases de tereftalato de polietileno (PET) reutilizados. De acuerdo con el estudio mencionado, estas trampas constituyen una alternativa eficaz para la captura de dípteros necrófilos y así obtener una representación de la diversidad. Estas trampas se colocaron en ramas de árboles por medio de piola de polipropileno a una altura de 1.5 a 3 m aproximadamente para evitar ser perturbadas por fauna carroñera (Kozlov y Whitworth, 2002). Cada trampa contenía 250 g de cebo natural de carne de cerdo, *Sus scrofa* (Linnaeus, 1758), en específico una combinación de codillo y vísceras (50% aproximadamente de cada una). Cada trampa fue etiquetada para permitir su identificación. El área de instalación de las trampas se delimitó en los siguientes puntos: 19°19'8.26" norte, 19°10'24.96" oeste y 19°19'13.62" norte y 99°10'21.41" oeste.

La recolección de cada trampa se llevó a cabo de la siguiente manera. En la trampa tipo (Figura 8a), retiramos la botella de PET de 1.5 l y se cubrió con una malla de nylon formando un nudo, para evitar que escaparan los ejemplares, posteriormente en el laboratorio los dípteros fueron trasladados a un recipiente con capacidad de 100 ml, con etanol 96 °GL y se almacenaron en el refrigerador a 4 °C para preservar el ADN (Doorenweerd y Beentjes, 2012), en la otra trampa tipo (Figura 8b), se retiró la botella de 600 ml, en el laboratorio se eliminó el exceso de etanol y se trasladaron los ejemplares a un recipiente con capacidad de 100 ml, con etanol 96 °GL y se almacenaron en el refrigerador a 4 °C para preservar el ADN (Doorenweerd y Beentjes, 2012),

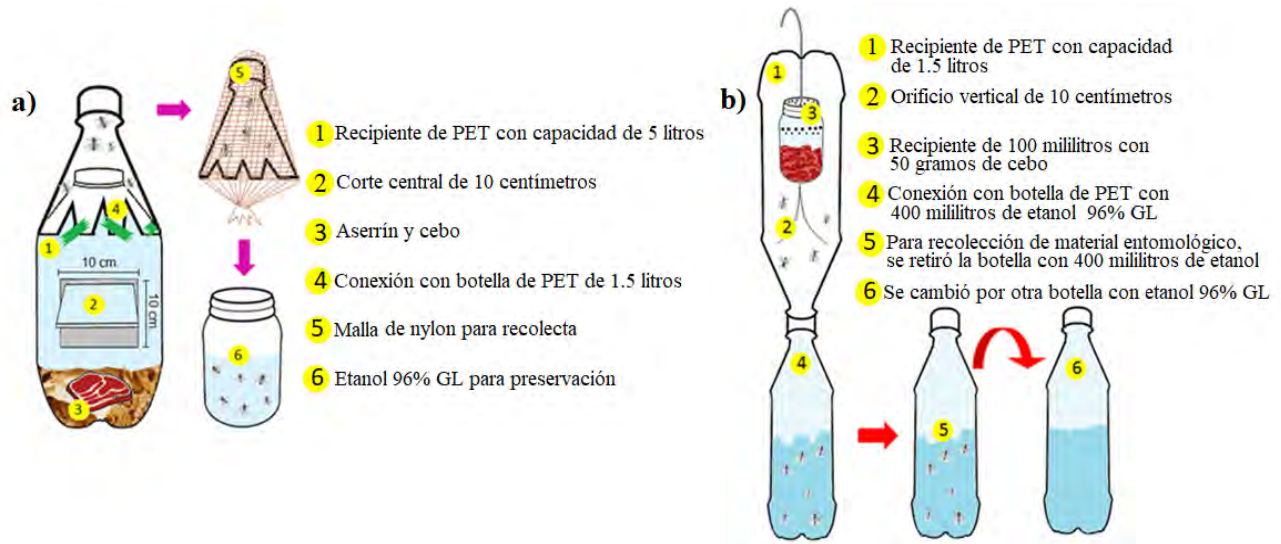


Figura 8. Descripción de trampas y el procedimiento utilizado para la recolección de dípteros necrófilos, trampa aérea tipo a) y b). Elaborado con base en Kozlov y Whitworth (2002).

6.1.3 Determinación taxonómica

Los organismos obtenidos fueron observados por medio de un microscopio estereoscópico marca Leica serie EZ4, se diferenciaron fenotípicamente y se agruparon en morfoespecies, las cuales se determinaron hasta el nivel de familia, género y en los casos en que fue posible hasta especie. Empleando claves taxonómicas disponibles, específicas para cada familia (Disney, 1983; Whitworth, 2006; Whitworth, 2010; Whitworth y Rognes 2014; De Carvalho *et al.*, 2005; Nihei y De Carvalho, 2009; Vairo *et al.*, 2011.)

A cada organismo se le tomó una muestra de tejido, diseccionando una de las patas del segundo o tercer par del lado derecho, con pinzas previamente esterilizadas. Después, el tejido se colocó en un criovial con etanol 96° GL, se etiquetó con el número de catálogo y se mantuvo en refrigeración a 4°C para la extracción de ADN (Ortiz, 2017). Finalmente los organismos se depositaron en la Colección de Artrópodos de Referencia Forense (CARF) con sus respectivos datos.

6.2 Extracción de ADN

En el laboratorio de Biología Molecular de Zoología del Instituto de Biología de la UNAM, se llevó a cabo la extracción de ADN, así como la amplificación del fragmento 5' del gen COXI.

La extracción de ADN se realizó por medio de un método de extracción salina de acuerdo con el protocolo mencionado en Sambrook *et al.* (1989), modificado por Ornelas *et al.*, (2014) estandarizado, ajustando de acuerdo al tamaño del tejido necesario. El tejido diseccionado de una pata trasera de organismos adultos del orden Diptera, fue colocado en

tubos para microcentrífuga de 1.5 ml, después se agregaron 500 μL de HOM buffer (80 mM EDTA pH 8, 100 mM Tris, 0.5 % SDS) y 15 μL de proteinasa K. Posteriormente se dejó incubar en un Thermo Mixer C a 56 °C con agitación durante toda la noche (aproximadamente 16 h). Transcurrido el tiempo de incubación, las muestras se incubaron nuevamente a 95 °C por 10 min para desactivar la proteinasa K.

Se adicionaron 500 μL de una solución Cloruro de Sodio (4.5 M) más 300 μL de Cloroformo y luego se agitó suavemente por 15 min. Enseguida el ADN se precipitó por centrifugación durante 15 min a 10000 rpm, recuperando el sobrenadante en un tubo nuevo de 1.5 ml, seguidamente se agregaron 600 μL de etanol absoluto a -20 °C homogenizando la mezcla. Se centrifugó durante 10 min a 13000 rpm en frío, se recuperó el sobrenadante en un tubo nuevo de 1.5 ml y se agregaron 500 μL de etanol al 70%, posteriormente se centrifugó durante 15 min a 13000 rpm y enseguida se recuperó el sobrenadante nuevamente (el paso de lavado con etanol al 10% fue repetido una vez más). Finalmente se dejó secar el pellet en una centrifuga de vacío Eppendorf por 30 min a 60 °C, el ADN se resuspendió en 50 μl de agua milliQ.

Asimismo, se estimó la concentración y pureza de la muestra de ADN midiendo la absorbancia a 260 nm, de una alícuota de 1 μl , usando el espectrofotómetro Thermo Scientific NanoDrop 2000.

6.3 Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y secuenciación

Se utilizó la técnica de PCR para amplificar un fragmento de 658 pb del gen COX1, los cebadores utilizados fueron: LCO1490 (59-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-39) y HCO2198 (59-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAATCA-39) (Folmer *et al.*, 1994). La PCR se llevó a cabo en tubos de 0.2 μl , en un Termociclador Applied Biosystems 2720.

Se preparó un mix que contenía los siguientes reactivos: 5.0 μL de agua, 2.0 μL de Buffer 5X, 0.4 μL de Primer *Forward*, 0.4 μL de Primer *Reverse*, 0.2 μL de Taq polimerasa BIOLINE y 2.0 μL de ADN. A cada tubo eppendorf se agregó 2 μl de ADN para obtener un volumen final de 10 μl por reacción de PCR. Las condiciones de amplificación para la PCR consistieron en un tiempo de desnaturalización a 95 °C por 5 min, 35 ciclos a 95 °C por 45 segundos, hibridación a 48 °C por 1 min y extensión a 72 °C por 1 min, posteriormente un tiempo de elongación final a 72 °C por 7 min, y un ciclo final de 4 °C ∞ .

Posteriormente, mediante electroforesis en gel de agarosa al 1 %, fueron separados los fragmentos de ADN y visualizados mediante una tinción con GelRed, utilizando un transiluminador de luz ultravioleta para determinar el éxito de la amplificación.

Las muestras fueron enviadas para su secuenciación a la unidad de secuenciación del laboratorio de Biología Molecular de la Biodiversidad y de Salud en el Instituto de Biología de la UNAM.

6.4 Métodos de delimitación de especies

Los cromatogramas fueron inspeccionados visualmente para verificar la calidad de las secuencias con el software FinchTV v.1.4. En el caso de observar dobles o múltiples picos con la misma intensidad se eliminó la secuencia. En todos los casos se verificó la existencia de una alta calidad de las secuencias (entendida como alta intensidad y “limpieza” de la misma, es decir, que no se incluyera en el cromatograma múltiples secuencias solapadas). Los casos en que en una secuencia existían algunas posiciones en que no se identificaba inequívocamente una posición, se revisaron y si la asignación de una base en esa posición no era clara, se asignó una base (N). En todos los casos se colocó un negativo (o control) de la reacción de amplificación, por lo que se controlaba la posibilidad de contaminación.

La identidad de las secuencias fue verificada, utilizando el algoritmo BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) del sitio web del Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI). Como secuencias de referencia para cada familia se incorporaron a los alineamientos de secuencias disponibles en bancos públicos (Genbank), fueron definidas como las secuencias con mayor porcentaje de similitud en búsquedas con BLAST. Sólo los haplotipos que tenían una gran similitud con la secuencia de COXI se utilizaron para los análisis posteriores (Tabla 3).

Los alineamientos se construyeron para cada familia y se identificaron visualmente agrupando las regiones de homología al comparar las posiciones entre distintos organismos, por medio del software MEGA v7.0. Para reducir posibles inferencias incorrectas se realizó un riguroso control de calidad de las secuencias y se eliminó la posibilidad de incluir numts (pseudogenes nucleares mitocondriales). De acuerdo con el protocolo estándar de códigos de barras de ADN publicado por el Consorcio para el Código de Barras de la Vida (CBOL), se utilizó un control de calidad involucrado en la generación de las secuencias COXI (Song *et al.*, 2008), el cual consistió en la verificación de la intensidad de la señal en el cromatograma, así como la ausencia de dobles señales solapadas. Posteriormente, se llevó a cabo la inspección para identificar indels y codones stop dentro del marco de lectura abierto. Las secuencias en las que se detectaron estos elementos fueron eliminadas.

Tabla 3. Secuencias empleadas como referencia en la reconstrucción filogenética

Organismo de referencia	Número de acceso en el GenBank	Estudio
<i>Anthomyia pluvialis</i>	KR677672.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Anthomyia</i> sp.	KT100625.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Emmesomyia grisea</i>	KP412985.1	(Leuchtman, 2007)
<i>Chrysomya rufifacies</i>	JX913741.1	(Nelson <i>et al.</i> , 2012)
<i>Chrysomya megacephala</i>	KT894991.1	(Zajac <i>et al.</i> , 2016)
<i>Phormia regina</i>	KX853042.1	(Andere <i>et al.</i> , 2016)
<i>Comptosyiops callipes</i>	AF295549.1	(Wells y Sperling, 2001)
<i>Cochliomyia macellaria</i>	KT272853.1	(Junqueira <i>et al.</i> , 2016)
<i>Calliphora vomitoria</i>	FR719157.1	(McDonagh y Stevens, 2011)
<i>Calliphora latifrons</i>	AF295557.1	(Wells y Sperling, 2001)
<i>Calliphora quadrimaculata</i>	FR719155.1	(McDonagh y Stevens, 2011)
<i>Lucilia coeruleiviridis</i>	KT272780.1	(Junqueira <i>et al.</i> , 2016)
<i>Lucilia</i> sp.	KT117085.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Lucilia pulverulenta</i>	KX283447.1	(Whitworth, 2014)
<i>Lucilia sericata</i>	KT272854.1	(Junqueira <i>et al.</i> , 2016)
<i>Olcella</i> sp.	KR069135.1	BOLD Student Data Portal Data Release
<i>Chloropidae</i> sp.	KM627590.1	Barcoding Canada Data Release
<i>Leucophenga</i> sp.	KT884785.1	(Huang y Chen 2016)
<i>Leucophenga saigusai</i>	JX887678.1	(Huang y Chen, 2014)
<i>Discocerina</i> sp.	KJ208872.1	Rapid Barcode-assisted Terrestrial Biomonitoring Point Pelee National Park
<i>Discocerina obscurella</i>	KR746863.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Fannia canicularis</i>	HQ979161.1	iBOL Data Release
<i>Fannia</i> sp.	KR663831.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Fannia unguolata</i>	KM637525.1	Barcoding Canada Data Release
<i>Synthesiomyia nudiseta</i>	EU627713.1	(Han y Ro, 2005)
<i>Hydrotaea</i> sp.	KT272841.1	(Junqueira <i>et al.</i> , 2016)
<i>Hydrotaea spinigera</i>	KF562116.1	(Khosro <i>et al.</i> , 2015)

Tabla 3. Continuación

<i>Hydrotaea armipes</i>	KR519346.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Helina troene</i>	KR683750.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Musca domestica</i>	KR262647.1	(Han, y Ro, 2016)
<i>Muscina stabulans</i>	KM676394.1	(Lan <i>et al.</i> , 2016)
<i>Megaselia rufipes</i>	KR749159.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Megaselia sp.</i>	KR990652.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Megaselia scalaris</i>	KX266965.1	(Cham, 2017)
<i>Phoridae sp.</i>	KR680319.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Spirobolomyia flavipalpis</i>	GQ409372.1	(Kutty <i>et al.</i> , 2010)
<i>Oxysarcodexia sp.</i>	KR661818.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Oxysarcodexia cingarus</i>	JQ806816.1	(Stamper <i>et al.</i> , 2013)
<i>Sarcophaga nodosa</i>	KR819910.1	(Zhang <i>et al.</i> , 2015)
<i>Sarcophaga sarracenioides</i>	KR992637.1	(Hebert <i>et al.</i> , 2016)
<i>Boettcheria latisterna</i>	KT272848.1	(Junqueira <i>et al.</i> , 2016)
<i>Helicobia rapax</i>	KP899680.1	(Winkler <i>et al.</i> , 2015)

El modelo más adecuado de sustitución nucleotídica fue seleccionado de acuerdo con los datos para cada familia con ayuda del programa JModeltest v. 2 (Guindon y Gascuel, 2003; Darriba *et al.*, 2012). Utilizando el software MEGA v.7.0 para evaluar la formación de grupos monofiléticos, se infirió un árbol filogenético usando el método Neighbour Joining (NJ) (Saitou y Nei, 1987), (Tamura *et al.*, 2011), considerando un modelo de evolución molecular K2P (Kimura, 1980) y evaluando el soporte de los nodos por medio de un análisis de bootstrap con 1000 réplicas.

La delimitación de especies fue llevada a cabo aplicando el análisis Generalized Mixed Yule-Coalescent (GMYC) (Fujisawa y Barraclough, 2013), el cual ha demostrado ser un método de delimitación robusto y estable, especialmente útil para encontrar valores de divergencia óptimos y revelar especies crípticas. Este método además es especialmente útil en estudios que buscan caracterizar la diversidad de amplios grupos de fauna (Talavera *et al.*, 2013). El método GMYC utiliza coalescencia para delimitar especies ajustando modelos de ramificación dentro y entre especies a árboles genéticos reconstruidos (Fujisawa y Barraclough, 2013). Es necesario construir un árbol ultramétrico, es decir, en el cual la longitud de las ramas se encuentran expresadas en unidades de tiempo, el cual fue estimado en el programa BEAST v1.8.4. Se utilizó una datación asumiendo un reloj relajado con distribución lognormal y utilizando una tasa de mutación de 1.5% por millón de años para el COXI como prior (Papadopoulou *et al.*, 2010). Se utilizó una distribución normal para la tasa

de mutación, con el valor del 1% como media y valor de inicio, una varianza de 0.05, para incluir el intervalo de valores reportados como tasa de mutación del COXI en insectos (Farrell, 2001; Dick *et al.*, 2004; Kandul *et al.*, 2004). Los árboles ultramétricos fueron incorporados al análisis de GMYC, el cual fue corrido usando el portal de internet de GMYC. Los clados identificados en el análisis de GMYC fueron asignados a distintas OTUs, como indicativo de su posible correspondencia con especies, lo cual posteriormente deberá ser confirmado con otro tipo de información (especialmente ADN nuclear).

6.5 Elaboración de un catálogo de código de barras de las especies presentes en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel

El catálogo de referencia para la asignación e identificación de especímenes de interés forense a géneros y especies conocidas, se elaboró mediante un compilado de 331 secuencias del gen COXI provenientes de dípteros necrófilos encontrados en la REPSA, fueron agrupadas por familias de la siguiente manera: Anthomyiidae, Calliphoridae, Chloropidae, Drosophilidae, Ephydriidae, Fanniidae, Muscidae, Phoridae y Sarcophagidae.

RESULTADOS

- 7.1 Riqueza de especies de dípteros necrófilos en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel
 - 7.2 Extracción de ADN
 - 7.3 Alineamiento
 - 7.4 Delimitación de especies
 - 7.5 Catálogo de secuencias de ADN de dípteros necrófilos
-

7. RESULTADOS

7.1 Riqueza de especies de dípteros necrófilos en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel

En un período de ocho meses durante el año 2016, se recolectaron 400 individuos adultos del orden Diptera incluidas en 9 familias, 17 géneros y 23 especies. La lista que se muestra a continuación se ordenó de acuerdo con la clasificación de Kahanpää y Salmela (2014).

Carnoidea

Chloropidae

Ephydroidea

Drosophilidae

Ephydriidae

Muscoidea

Anthomyiidae

Anthomyia sp.

Anthomyia pluvialis (Linnaeus, 1758)

Emmesomyia sp.

Emmesomyia grisea (Robineau-Desvoidy, 1830)

Fanniidae

Fannia sp.

Fannia canicularis (Linnaeus, 1761)

Fannia unguolata (Chillcott, 1961)

Muscidae

Helina sp.

Helina troene (Walker, 1849)

Hydrotaea sp.

Hydrotaea armipes (Fallen, 1825)

Hydrotaea spinigera (Stein, 1910)

Muscina sp.

Muscina stabulans (Fallen, 1817)

Musca domestica (Linnaeus, 1758)

Synthesiomyia sp.

Synthesiomyia nudiseta (Van Der Wulp, 1883)

Oestroidea

Calliphoridae

Calliphora sp.

Calliphora latifrons (Hough, 1899)

Calliphora vicina (Robineau-Desvoidy, 1830)

Calliphora vomitoria (Linnaeus, 1758)

Chrysomya sp.

Chrysomya megacephala (Fabricius, 1794)

Chrysomya rufifacies (Macquart, 1842)

- Cochliomyia* sp.
Cochliomyia macellaria (Fabricius, 1794)
Comptosyiops sp.
Comptosyiops callipes (Bigot, 1877)
Lucilia sp.
Lucilia sericata (Meigen, 1826)
Phormia sp.
Phormia Regina (Meigen 1803)
Sarcophagidae
Helicobia sp.
Helicobia rapax (Walker, 1849)
Sarcophaga sp.
Sarcophaga sarracenioides (Aldrich, 1916)
Platyezoida
Phoridae
Megaselia sp.
Megaselia rufipes (Meigen 1804)
Megaselia scalaris (Loew, 1866)
Phoridae sp.

El número de individuos para las familias fueron: Anthomyiidae (11), Calliphoridae (128), Chloropidae (16), Drosophilidae (7), Ephydriidae (2), Fanniidae (17), Muscidae (51), Phoridae (154) y Sarcophagidae (14). Las familias y el porcentaje del número de individuos se muestran en la Figura 9.

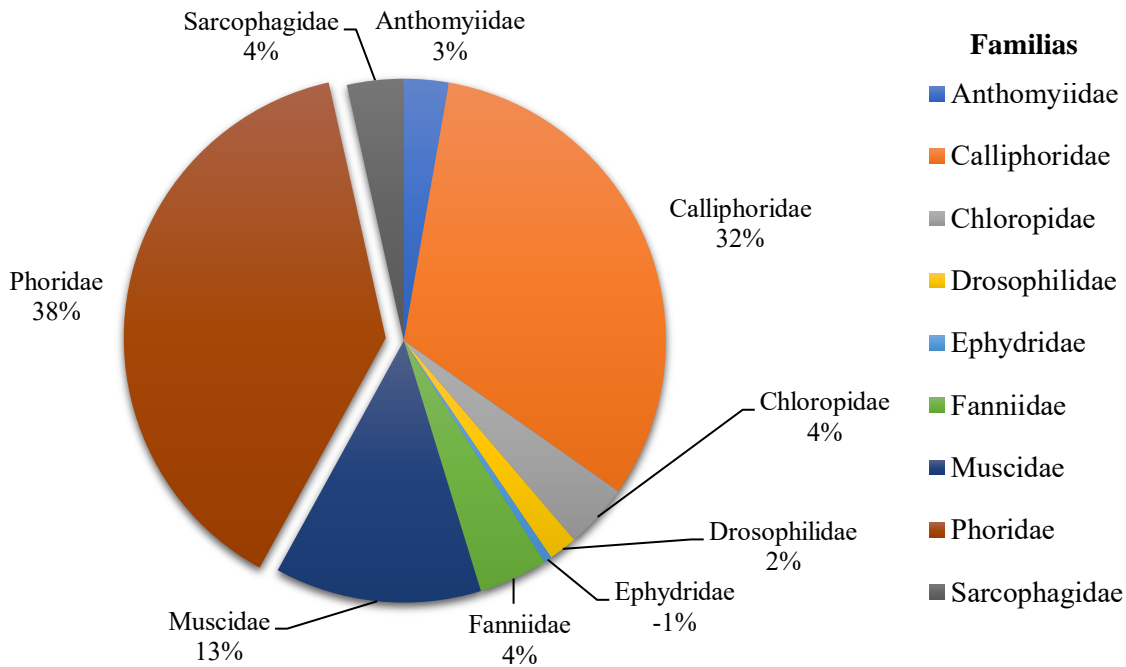


Figura 9. Porcentaje de individuos por familia de dípteros necrófilos presentes en la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel.

7.2 Extracción de ADN

El éxito de las extracciones de ADN ($n = 400$) se corroboró midiendo las concentraciones, las cuales correspondían a valores entre 25.2 a 29.1 ng/ μ l, asimismo se obtuvieron los índices de pureza del ADN, para el cálculo de la relación A260/A280, los valores obtenidos oscilaron de 0.58 a 2.1 (un valor de 1.65 a 1.9 indicando una muestra pura aceptable). Posteriormente determinamos el éxito de la amplificación obteniendo 364 individuos amplificados con éxito y 36 de los individuos no fue posible amplificar, ya que encontramos problemas durante la separación de ADN en el gel de agarosa debido a que en varias muestras no había bandas o estas eran muy débiles, lo anterior puede estar relacionado con algunas anomalías durante el proceso de preservación y/o extracción. De igual forma, 364 casos fueron enviados para su secuenciación, pero solo 331 individuos se obtuvieron de manera exitosa, el resto de las secuencias se eliminaron ya que eran de mala calidad.

7.3 Alineamiento

Un total de 331 individuos fueron alineados (Tabla 4), además de ser verificados mediante el algoritmo BLAST. Se encontraron similitudes de regiones homólogas entre las secuencias biológicas, los niveles máximos alcanzados en el grado de identidad, la coincidencia total entre las secuencias oscilo entre el 98% al 100% en todos los casos.

Tabla 4. Datos de las secuencias que fueron obtenidas e integradas a los alineamientos por familia

Familia	Número de secuencias	Tamaño del producto amplificado (pares de bases)	Número de sitios variables	Número de sitios parsimoniosamente informativos
Anthomyiidae	11	641 pb	127	69
Calliphoridae	105	640 pb	208	180
Chloropidae	15	619 pb	66	38
Drosophilidae	7	624 pb	104	43
Ephydridae	2	624 pb	80	55
Fanniidae	17	605 pb	124	60
Muscidae	43	608 pb	208	172
Phoridae	119	581 pb	219	139
Sarcophagidae	12	592pb	153	131
TOTAL	331			

7.4 Delimitación de especies

Las topologías obtenidas usando el método NJ reflejan una representación del grado de similitud de las terminales las cuales corresponden a cada familia estudiada. Se obtuvieron árboles no enraizados, con valores de bootstrap (>80) (indicados en la parte superior de las ramas), de esta manera nos permite saber cuán fiables son los nodos obtenidos. Este tipo de árbol representa un patrón de ramificación, es decir, que la longitud de sus ramas no representa el tiempo.

Por medio del método GMYC se lograron definir agrupamientos en especies de dípteros necrófilos en los extremos de las ramas de cada árbol, representado la forma en la que evolucionaron las especies del árbol a partir de una serie de ancestros comunes. Cada nodo interno representa un evento de divergencia o separación de un grupo en grupos descendientes. En cada punto de ramificación se encuentra el ancestro común más reciente de todos los grupos que descienden de esa ramificación, representado un número de cambios a lo largo de la longitud de sus ramas.

Los árboles generados mediante inferencias filogenéticas, por medio del método de NJ, se obtuvo una topología congruente con la obtenida en el análisis de datación (procesada para el algoritmo GMYC) en todos los casos. El análisis de los árboles generados para cada familia de dípteros necrófilos se muestra a continuación:

El árbol construido por medio del método NJ (Figura 10a) y GMYC (Figura 10b) corresponden a la familia Anthomyiidae, en los cuales se incluyeron los siguientes taxa de referencia: *Anthomyia* sp. (KT100625), *Anthomyia pluvialis* (KR677672), *Emmesomyia grisea* (KP412985). Presenta valores de soporte bootstrap superior al 95% (Figura 10a), en cuanto a la correlación existente de las ramas terminales con los taxa, se logró la delimitación del género *Anthomyia* sp. y la especie *Anthomyia pluvialis*, en el caso de la secuencia 117 LCO no presentó homología con la secuencia de referencia (*Emmesomyia grisea*), puede tratarse de una especie nueva o que no se encuentre en la base de datos.

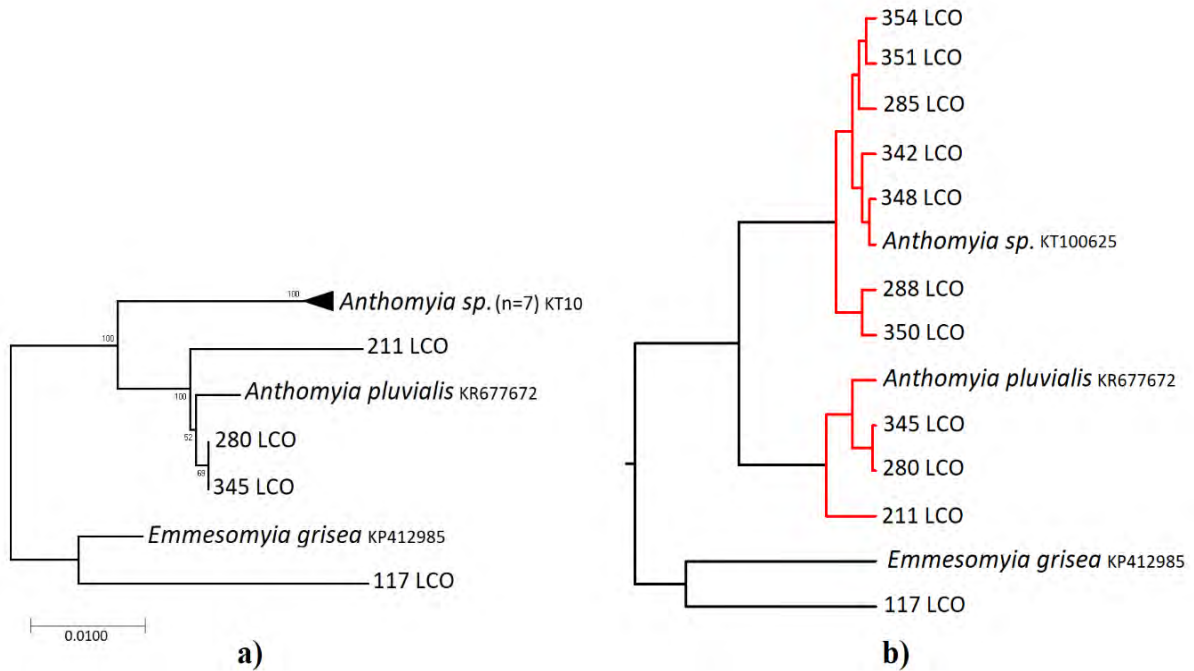


Figura 10. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Anthomyiidae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

Los grupos recuperados de la familia Calliphoridae en el análisis GMYC (Figura 11b) se compararon con los obtenidos previamente por el método NJ (Figura 11a), registrando coincidencia entre ambos métodos. Los resultados se consideraron muy positivos, ya que los dípteros necrófilos se pudieron identificar a nivel género (*Lucilia* sp.) y especie (*Calliphora latifrons*, *Calliphora vomitoria*, *Chrysomya megacephala*, *Chrysomya rufifacies*, *Cochliomyia macellaria*, *Compsomyiops callipes*, *Phormia Regina*, *Lucilia sericata*). Usando los siguientes taxa de referencia: *Calliphora latifrons* (AF295557), *Calliphora quadrimaculata* (FR719155), *Calliphora vomitoria* (FR719157), *Chrysomya megacephala* (KT894991), *Chrysomya rufifacies* (JX913741), *Cochliomyia macellaria* (KT272853), *Compsomyiops callipes* (AF295549), *Lucilia coeruleiviridis* (KT272780), *Lucilia pulverulenta* (KX283447), *Lucilia sericata* (KT272854), *Lucilia* sp. (KT117085), *Phormia Regina* (KX853042). Se observó un primer grupo conformado por organismos del género *Chrysomya*. Un segundo grupo perteneciente a la especie *Phormia Regina* soportado por un valor de bootstrap de 99%. Un tercer grupo formado por las especies *Cochliomyia macellaria* y *Compsomyiops callipes* con un valor de bootstrap de >80% cada especie.

Y un cuarto grupo conformado por el género *Calliphora* soportado con un valor de bootstrap de 89%. En algunas especies del género *Lucilia* no se lograron distinguir morfológicamente, tampoco entre las de referencia de este modo fueron asignadas en un

mismo OTU, es posible que el punto de bifurcación en un nodo interno represente un evento de especiación o hibridación (Figura 11).

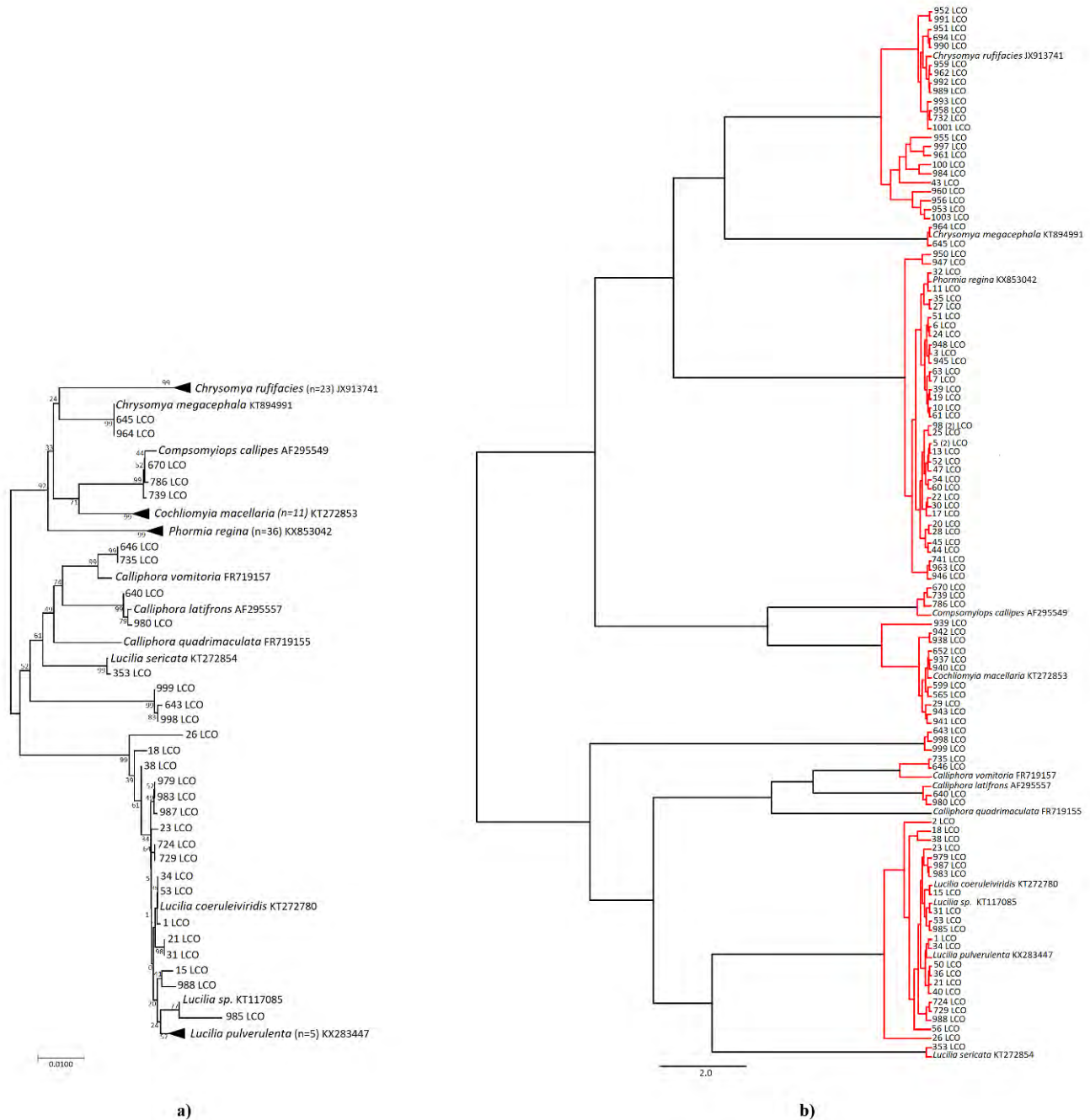


Figura 11. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Calliphoridae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

El árbol correspondiente a la familia Chloropidae (Figura 12) en el cual se observó un grupo comprendido por los siguientes taxa de referencia: *Chloropidae* sp. (KM627590), *Ocella* sp. (KR069135) y *Liohippelates bishoppi* (KR669761). Las secuencias 261 LCO, 277 LCO, 262 LCO, 293 LCO, 265 LCO, 281 LCO, 292 LCO, 269 LCO, 248 LCO, 185 LCO, 161 LCO, 209 LCO, 274 LCO, 267 LCO y 270 LCO se incluyen en un solo clado que no cuenta con secuencia de referencia en GenBank o probablemente pueda tratarse de una especie nueva.

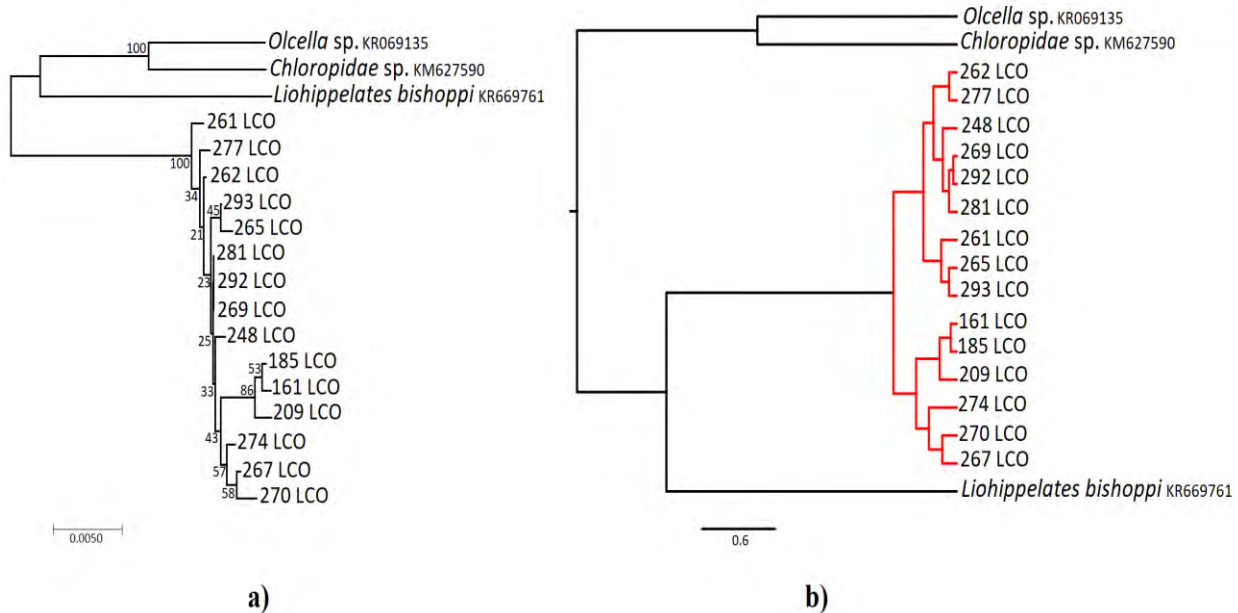


Figura 12. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Chloropidae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

El siguiente árbol es referente a la familia Drosophilidae, el cual está constituido por los siguientes taxa de referencia: *Leucophenga* sp. (KT884785), *Leucophenga saigusai* (JX887678), donde las secuencias 268 LCO, 273 LCO, 284 LCO, 271 LCO, 282 LCO, 276 LCO se lograron agrupar entre sí, pero no presentaron correspondencia con los taxa de referencia, siendo el mismo caso de la secuencia 71 LCO (Figura 13).

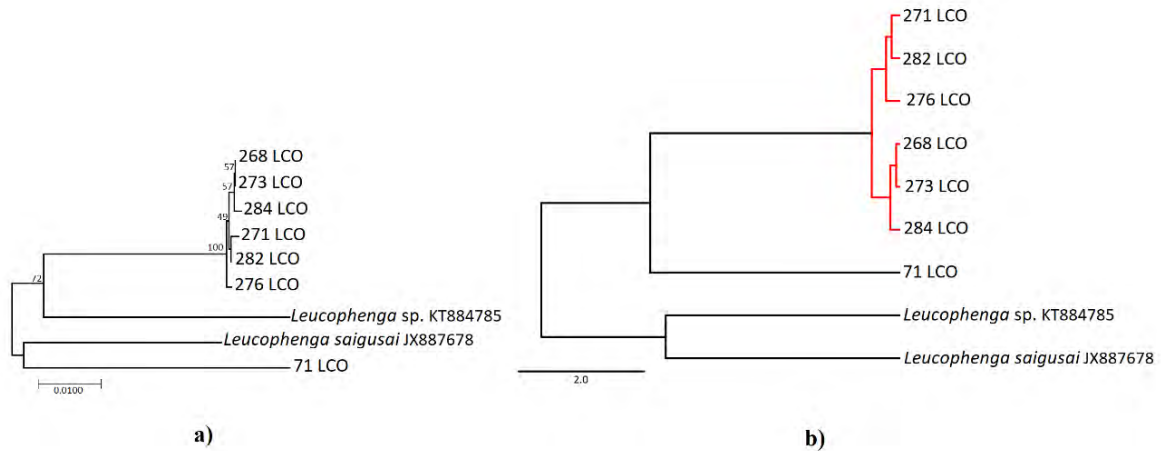


Figura 13. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Drosophilidae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

Los grupos recuperados de la familia Ephydriidae en el análisis GMYC (Figura 14b) presentan similitud con los obtenidos previamente por el método NJ (Figura 14a). El árbol filogenético correspondiente a la familia Ephydriidae, el cual está conformado por los taxa de referencia: *Discocerina sp.* (KJ208872), *Discocerina obscurella* (KR746863) y *Ephydriidae sp.* (KT272848). Las secuencias 207 LCO y 132 LCO no presentan correspondencia con los taxa de referencia, soportado por un valor de bootstrap de 100%. (Figura 14).

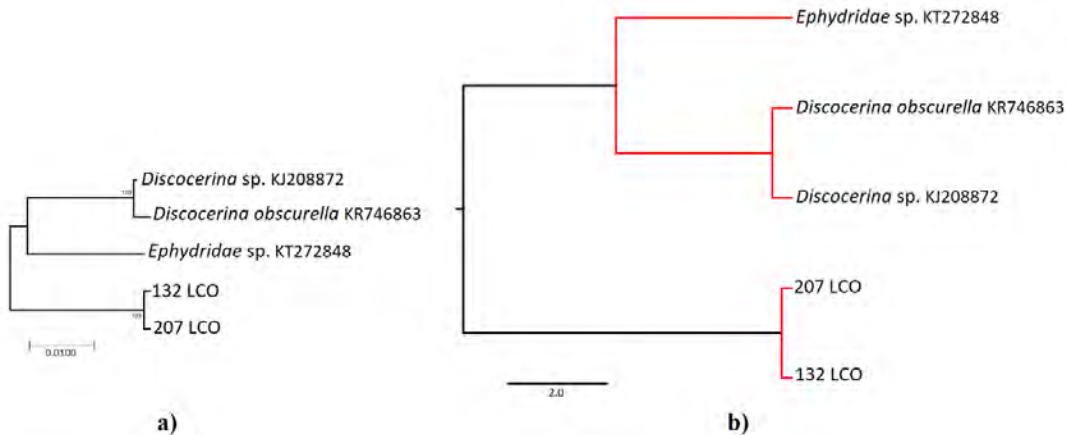


Figura 14. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Ephydriidae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

Los grupos recuperados para la familia Fanniidae en el análisis NJ (Figura 15a) se compararon con los obtenidos previamente por el método GMYC (Figura 15b), registrando coincidencia entre ambos métodos. Integrado por los siguientes taxa de referencia: *Fannia* sp. (KR663831), *Fannia canicularis* (HQ979161), *Fannia ungulata* (KM637525). La mayoría de los nodos presentan soportes significativos de >90%. Se observó un primer grupo conformado por organismos del género *Fannia*, las secuencias 275 LCO y 287 LCO no presentaron correspondencia con los taxa de referencia (Figura 15).

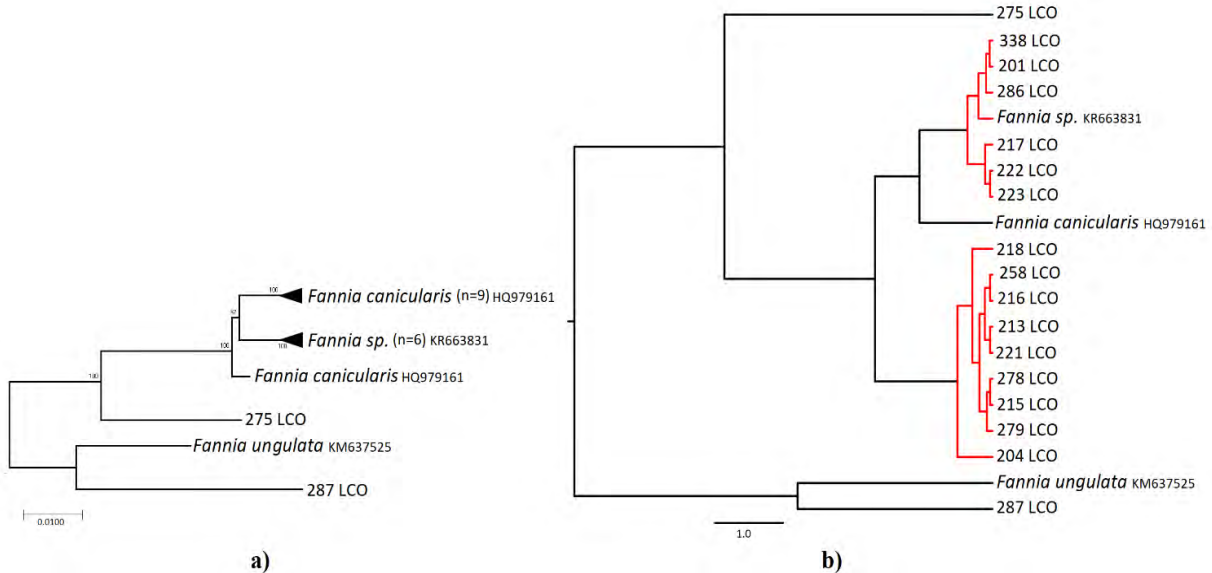


Figura 15. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Fanniidae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

Los siguientes arboles corresponden a la familia Muscidae, se encuentran comprendidos por los siguientes taxa de referencia: *Musca domestica* (KR262647), *Muscina stabulans* (KM676394), *Helina troene* (KR683750), *Hydrotaea* sp. (KT272841), *Hydrotaea armipes* (KR519346), *Hydrotaea spinigera* (KF262647) y *Synthesiomyia nudiseta* (EU627713). Con un clado muy marcado en la especie *Musca domestica*, *Muscina stabulans*, *Synthesiomyia nudiseta*, *Hydrotaea* sp. e *Hydrotaea spinigera* soportadas por un valor de bootstrap de 100%. Donde la secuencia 717 LCO no presenta correspondencia con los taxa de referencia (Figura 16).

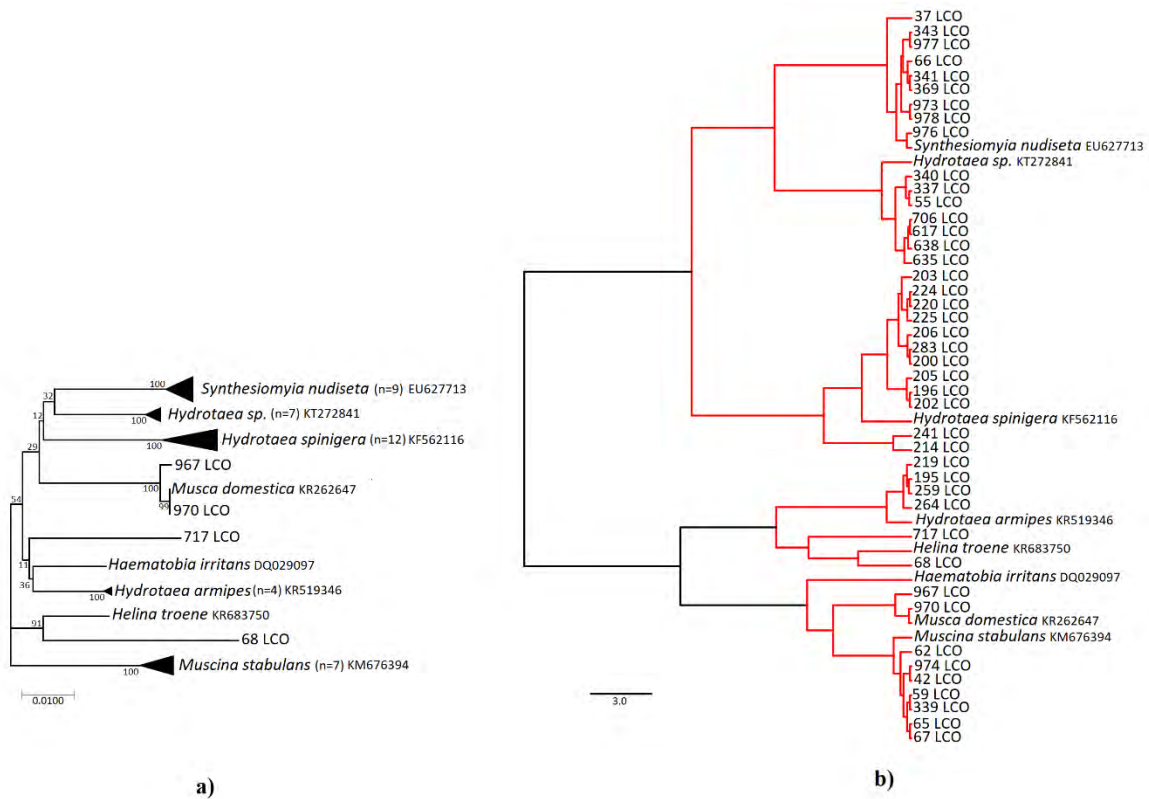


Figura 16. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Muscidae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

El árbol filogenético para la familia Phoridae, formado por los siguientes taxa de referencia: *Megaselia scalaris* (KX266965), *Megaselia rufipes* (KR749159), *Megaselia sp.* (KR990652), y *Phoridae sp.* (KR680319). Donde *Megaselia rufipes*, *Megaselia scalaris* y *Phoridae sp.*, presentan soportes de >90% y el resto >90% (Figura 17).

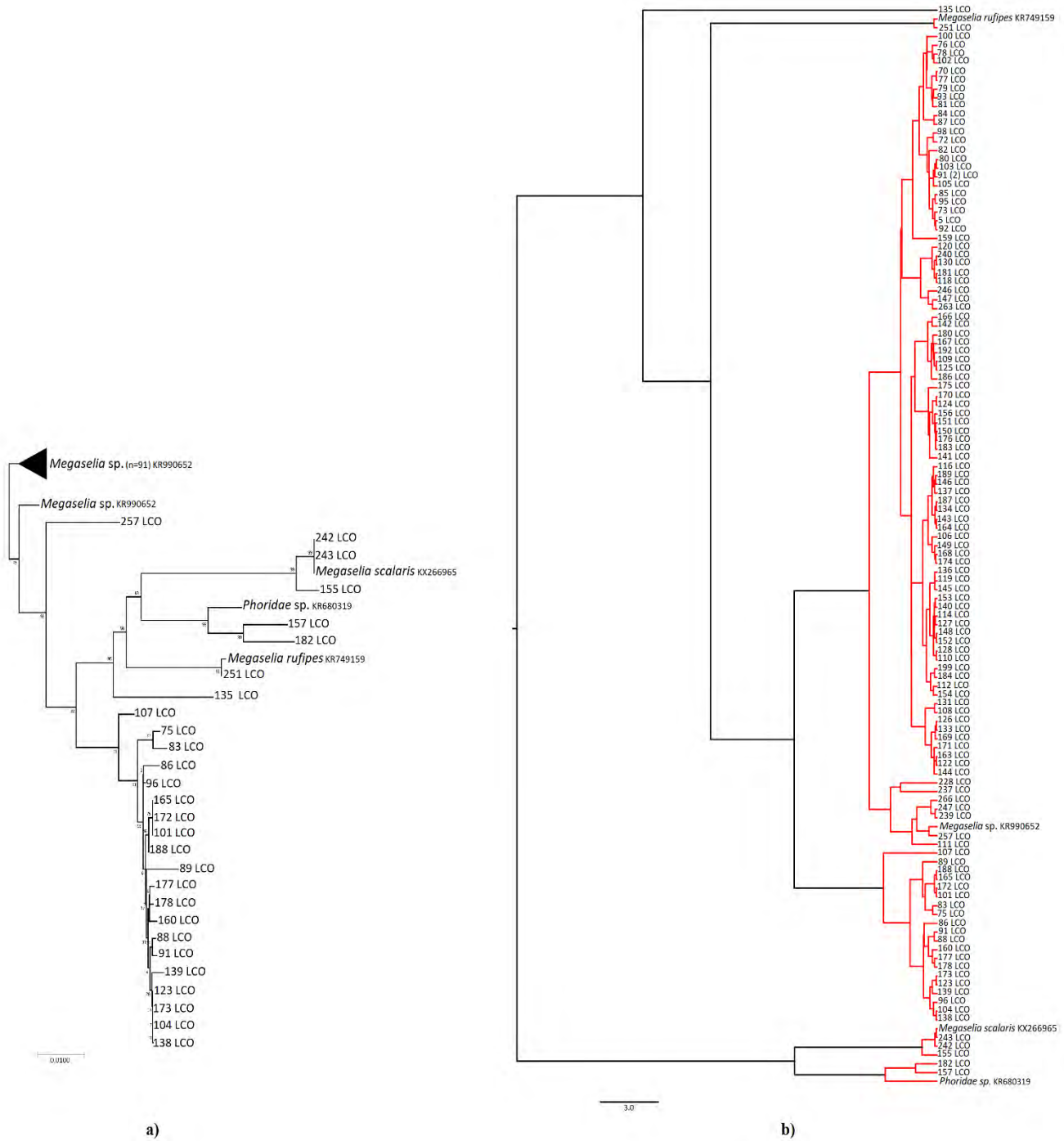


Figura 17. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Phoridae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

El siguiente árbol filogenético corresponde a la familia Sarcophagidae comprendida por los siguientes taxa de referencia: *Boettcheria latisterna* (KT272848), *Helicobia rapax* (KP899680), *Oxysarcodexia cingarus* (JQ806816), *Oxysarcodexia* sp. (KR661818), *Sarcophaga nodosa* (KR819910), *Sarcophaga sarracenioides* (KR992637), *Spirobolomyia flavipalpis* (GQ409372). La mayoría de los nodos presentan altos valores de bootstrap representando más del 80%, proporcionando fiabilidad y robustez a los árboles creados (Fig. 17). Las secuencias 12 LCO, 57 LCO, 69 LCO, 289 LCO, 291 LCO, 336 LCO, 344 LCO, y 359 LCO no presentan correspondencia con las secuencias de referencia, esto nos indica que pueden ser especies que no se encuentren descritas, o no exista una secuencia en el banco de datos.

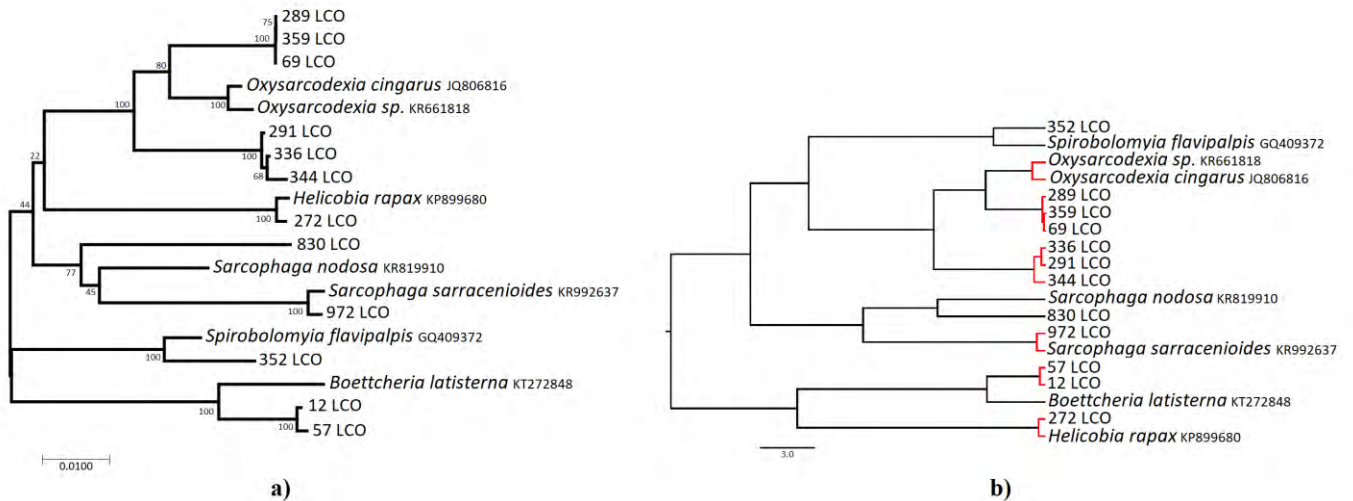


Figura 18. Análisis estimados a partir de secuencias COXI de la familia Sarcophagidae. a) Árbol filogenético construido con el algoritmo de NJ y el modelo de sustitución K2P; b) árbol filogenético estimado por métodos bayesianos (BEAST) representando la delimitación de OTUS recuperadas con el método GMYC. Las ramas en negro corresponden con las terminales delimitadas como OTUS distintas. Los nombres de especies son los taxa de referencia de GenBank.

Las secuencias analizadas correspondientes al número total de OTUS de referencia (Tabla 5) indican los clados para los cuales existe una secuencia de referencia en internet, pero ocurrieron casos para en lo que no existieron secuencias de referencia homólogas, es posible que se trate de una OTU correspondiente a una especie para la cual no existen secuencias publicadas o bien, una OTU que puede corresponder a una especie nueva para la ciencia. Finalmente, otra posibilidad es que se haya incluido en un clado junto con una secuencia de Genbank que no está identificada hasta especie.

Tabla 5. Secuencias analizadas correspondiente al número de OTUS totales

Familia	Género/Especie (n*)	Número de géneros/especies GMYC	Número de especies por identificar**
Anthomyiidae		2	1
	<i>Anthomyia</i> sp. (7)		
	<i>Anthomyia pluvialis</i> (3)		
	<i>Emmesomyia grisea</i> (1)		
Calliphoridae		11	1
	<i>Calliphora latifrons</i> (2)		
	<i>Calliphora vicina</i> (3)		
	<i>Calliphora vomitoria</i> (2)		
	<i>Chrysomya megacephala</i> (2)		
	<i>Chrysomya rufifacies</i> (23)		
	<i>Cochliomyia macellaria</i> (11)		
	<i>Comptosomyia callipes</i> (3)		
	<i>Lucilia coeruleiviridis/ Lucilia pulverulenta/ Lucilia</i> sp. (22)		
	<i>Lucilia sericata</i> (1)		
	<i>Phormia Regina</i> (36)		
Chloropidae	<i>Chloropidae</i> sp. (15)	_____	1
Drosophilidae	<i>Drosophilidae</i> sp. (7)	_____	2
Ephydriidae	<i>Ephydriidae</i> sp. (2)	_____	1
Fanniidae		1	4
	<i>Fannia canicularis</i> (6)		
	<i>Fannia unguata</i> (1)		
	<i>Fannia</i> sp. (10)		
Muscidae		7	1
	<i>Helina troene</i> (1)		
	<i>Helina</i> sp. (1)		
	<i>Hydrotaea armipes</i> (4)		
	<i>Hydrotaea spinigera</i> (12)		
	<i>Hydrotaea</i> sp. (7)		
	<i>Muscina stabulans</i> (7)		
	<i>Musca domestica</i> (2)		
	<i>Synthesiomyia nudiseta</i> (9)		
Phoridae		2	4
	<i>Megaselia rufipes</i> (1)		
	<i>Megaselia scalaris</i> (3)		
	<i>Megaselia</i> sp. (92)		
	<i>Phoridae</i> sp. (23)		
Sarcophagidae		2	6
	<i>Helicobia rapax</i> (1)		
	<i>Sarcophaga sarracenioides</i> (1)		
	<i>Sarcophagidae</i> sp. (10)		
TOTAL		25	21

*Se refiere al número de secuencias que tienen correspondencia con una OTU de referencia

** No existe una secuencia de referencia en internet. Es posible que se trate: una OTU correspondiente a una especie para la cual no existen secuencias publicadas o bien, una OTU que puede corresponder a una especie nueva para la ciencia. Finalmente, es que se haya incluido en un clado junto con una secuencia de Genbank que no está identificada hasta especie (por ejemplo, “*Anthomyia* sp.”).

7.5 Catálogo de secuencias de ADN de dípteros necrófilos

Se obtuvo un catálogo de secuencias de cada una de las familias Anthomyiidae (11), Calliphoridae (105), Chloropidae (15), Drosophilidae (7), Ephydriidae (2), Fanniidae (17), Muscidae (43), Phoridae (119) y Sarcophagidae (12). Con un total de 331 secuencias distribuidas en todas las familias anteriores (indicadas en paréntesis) (ver anexo página 69).

DISCUSIÓN

8

8. DISCUSIÓN

El presente trabajo es el primer estudio de dípteros necrófilos para el Valle de México en aplicar una metodología que integra la taxonomía por medio de criterios morfológicos y moleculares para obtener delimitaciones taxonómicas robustas.

Las 9 familias (Anthomyiidae, Chloropidae, Drosophilidae, Ephydriidae, Fanniidae, Muscidae y Phoridae) encontradas en este estudio representan el 75% de las 12 familias (Agromyzidae, Bibionidae, Bombyliidae, Calliphoridae, Culicidae, Dolichopodidae, Empididae, Sarcophagidae, Sirphyidae, Tachinidae, Tephritidae y Tipulidae) documentadas para la REPSA.

En este estudio se encontraron 9 familias, 17 géneros y 23 especies durante un periodo de ocho meses. Donde 14 especies (*Anthomyia pluvialis*, *Boettcheria lastiterna*, *Compsomyiops callipes*, *Emmesomyia grisea*, *Fannia unguata*, *Helicobia rapax*, *Helina troene*, *Hydrotaea armipes*, *Hydrotaea spinigera*, *Lucilia coeruleiviridis*, *Lucilia pulverulenta*, *Megaselia rufipes*, *Muscina stabulans* y *Sarcophaga sarracenioides*) podrían constituir nuevos registros para la REPSA, ya que no fueron reportadas en ningún estudio para el Valle de México. Sin embargo en cuanto a la abundancia de dípteros al ser comparados con los datos tomados de Molina *et al.* (2012) (Tabla 6), en el cual se reportaron 11 familias, 4 géneros y 26 especies de dípteros recolectados de cadáveres humanos encontrados en la Ciudad de México a lo largo de siete años, mostrando una composición con menores valores de riqueza de especies en comparación con este estudio. Por ejemplo, en el estudio de Molina *et al.* (2012), debemos de tomar en cuenta que los dípteros fueron tomados de cadáveres, por lo que sus observaciones dependen de su número y localización particular en la Ciudad de México, en el período de estudio. Sin embargo en este trabajo el alimento (o cebo) fue permanente todo el tiempo de estudio y cada trampa estuvo disponible probablemente por tiempos mayores, lo que podría haber permitido cubrir un mayor tiempo del proceso de descomposición y con ello, proveer de mayor variedad de condiciones de atracción para distintos taxa.

Existen una diferencia entre ambos estudios que posiblemente estén relacionados con tal situación como: el grado de modificación que han tenido los ecosistemas del Valle de México por las actividades humanas entre el periodo de muestreo, como puede ser la disminución de áreas amplias de vegetación entre los momentos en que fueron llevados a cabo los muestreos o el uso de químicos para el control de plagas que podría afectar de forma puntual la presencia de algunas especies en ciertas zonas (Goff, 2000; Vanegas, 2006).

Por otra parte, existen algunas especies (sobre todo aquellas con menores abundancias o distribución más restringida) que muestran una especificidad de hábitat más alta. De esta forma, el número de especies y su abundancia puede variar dependiendo de condiciones relacionadas tanto con factores bióticos (por ejemplo, disponibilidad de alimento o de sustrato para la puesta de huevos), como factores abióticos (por ejemplo, luz, humedad, temperatura y viento). Además, la abundancia relativa de ciertos dípteros esta determinada

por las estaciones del año (Byrd y Castner, 2010). Denno y Cothran (1976) señalan que el establecimiento y el desarrollo de larvas de las familias Calliphoridae y Sarcophagidae se retrasan cuando la temperatura nocturna y la humedad relativa son bajas y pueden dar lugar a condiciones de presencia o ausencia de ciertas especies. Por ejemplo, existen múltiples especies con funciones depredadoras que pueden controlar las poblaciones de otras en un proceso de descomposición cadavérica. Existen grupos que se alimentan de las especies necrófagas, como en el caso de la familia Sarcophagidae, cuyas larvas pueden depredar larvas de su misma especie o de otras familias (Kamal 1958; Blackith y Blackith 1989; Caceres y Arlett, 2014).

El no haber podido encontrar organismos en el presente trabajo que previamente estaban registradas, puede estar relacionado con distintos factores. En primer lugar, el área de muestreo es determinate ya que existen especies que tienen una relación muy estrecha con determinados hábitats que no existen en la zona de estudio. Siendo el caso por ejemplo, de *Hermetia illucens*, una especie asociada a granjas y ambientes pecuarios o rurales, ya que ovoposita en frutas y verduras en estado de putrefacción, en basura, en materia fecal, en carroña y en escenarios con exposición de vísceras (Byrd y Castner, 2010). Otro es el caso de *Lucilia eximia*, cuya presencia se asocia a zonas boscosas, pero también pueden habitar en áreas urbanas debido a su atracción por la basura y heces, es común encontrarla en mercados (Byrd y Castner, 2010). En el caso de *Cynomyopsis cadaverina* suele ser abundante y estar asociada a ambientes exteriores, es dominante en los meses de invierno a partir de octubre hasta marzo, no fue posible encontrarla debido a las fluctuaciones estacionales considerables, como consecuencia, no logramos obtener la presencia de esta especie, debido al periodo de actividad relacionado con nuestro periodo de colecta, ya que se llevó a cabo durante los meses de abril a noviembre. En el caso de *Fannia scalaris* (conocido como mosca de la letrina), los adultos ingresan fácilmente en edificios asociándose a interiores y exteriores, los huevos se encuentra comúnmente en estiércol humano o animal, así como en material orgánica en descomposición, además las larvas pueden desarrollarse en nidos de pájaros, otros insectos y en cadáveres humanos (Byrd y Castner, 2010; Gunn, 2011).

Es importante resaltar una vez más, la conveniencia de subsanar errores incurridos al no confirmar la presencia y la disponibilidad de organismos en trabajos previos, siendo el caso de *Lucilia cuprina*, citada por Molina *et al.* (2012), quienes reportan esta especie como abundante mientras que en el presente trabajo no se encontró ningún organismo (Tabla 7), a pesar de que en las recolectas las especies del género *Lucilia* fueron de las más abundantes.

Tabla 6. Comparación las especies de dípteros necrófilos encontradas en este estudio con las que fueron encontradas por Molina *et al.* (2012) en la Ciudad de México (tabla parcialmente tomada y modificada de Molina *et al.*, 2012)

FAMILIA / Especies	DELEGACIONES POLITICAS*																Este estudio REPSA	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16		
CALLIPHORIDAE																		
<i>Calliphora latifrons</i>				•		•	•		•	•	•	•		•	•	•		•
<i>Calliphora vicina</i>	•		•				•							•	•	•		
<i>Calliphora vomitoria</i>							•							•	•	•		•
<i>Lucilia cuprina</i>			•	•		•	•		•			•					•	
<i>Lucilia sericata</i>	•	•	•	•	•	•	•	•	•		•	•	•	•	•	•	•	•
<i>Lucilia eximia</i>	•		•						•					•			•	
<i>Lucilia pulverulenta</i>																		•
<i>Lucilia coeruleiviridis</i>																		•
<i>Lucilia sp.</i>																		•
<i>Chrysomya rufifacies</i>	•	•		•		•	•	•	•		•	•	•	•	•	•	•	•
<i>Chrysomya megacephala</i>	•		•	•										•	•	•		•
<i>Cochliomyia macellaria</i>	•						•		•			•	•	•	•	•		•
<i>Phormia regina</i>	•	•	•		•		•	•	•		•		•				•	•
<i>Cynomyopsis cadaverina</i>									•								•	
<i>Comptosyiops callipes</i>																		•
MUSCIDAE																		
<i>Helina troene</i>																		•
<i>Hydrotaea armipes</i>																		•
<i>Hydrotaea spinigera</i>																		•
<i>Hydrotaea sp.</i>	•		•														•	•
<i>Musca domestica</i>				•		•											•	•
<i>Muscina sp.</i>																	•	
<i>Muscina stabulans</i>																		•
<i>Synthesiomyia nudiseta</i>	•	•	•	•		•	•				•							•
<i>Stomoxys calcitrans</i>									•			•	•				•	
FANNIDAE																		
<i>Fannia canicularis</i>	•		•				•											•
<i>Fannia scalaris</i>	•		•	•			•				•							
<i>Fannia unguolata</i>																		•
SARCOPHAGIDAE																		
<i>Boettcheria lastiterna</i>																		•
<i>Helicobia rapax</i>																		•
<i>Sarcophaga haemorrhoidalis</i>	•		•	•		•	•		•	•			•	•	•	•		
<i>Sarcophaga nodosa</i>																		•

FAMILIA / Especies	DELEGACIONES POLITICAS*																Este estudio REPSA		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16			
<i>Sarcophaga</i> sp.			•						•				•				•		
<i>Spirobolomyia flavipalpis</i>																		•	
PIOPHILIDAE																			
<i>Piophila casei</i>	•		•	•			•	•	•					•	•		•		
STRATIOMYIDAE																			
<i>Hermetia illucens</i>									•			•					•		
SEPSIDAE																			
<i>Sepsis</i> sp.		•															•		
PHORIDAE																			
<i>Megaselia rufipes</i>																			•
<i>Megaselia scalaris</i>			•	•	•	•													•
<i>Megaselia</i> sp.																			•
<i>Phoridae</i> sp.																			•
NERIIDAE																			
<i>Odontoloxozus longicornis</i>				•										•					
CHIRONOMIDAE																			•
CULICIDAE																			•
ANTHOMYIIDAE																			
<i>Anthomyia pluvialis</i>																			•
<i>Emmesomyia grisea</i>																			•
EPHYDRIDAE																			•
DROSOPHILIDAE																			•
CHLOROPIDAE																			•
TOTAL DE ESPECIES	13	5	14	11	3	8	14	4	13	2	6	7	7	11	9	21			35
Número de casos forenses	10	2	5	4	2	6	22	4	23	2	3	5	9	10	10	15			0

* Información de Molina *et al.* (2012). Las Delegaciones Políticas y la zona de estudio corresponden con el siguiente listado: (1) Álvaro Obregón, (2) Azcapotzalco, (3) Benito Juárez, (4) Coyoacán, (5) Cuajimalpa, (6) Cuauhtémoc, (7) Gustavo A. Madero, (8) Iztacalco, (9) Iztapalapa, (10) Magdalena Contreras, (11) Miguel Hidalgo, (12) Milpa Alta, (13) Tláhuac, (14) Tlalpan, (15) Venustiano Carranza, (16) Xochimilco y la zona de estudio (REPSA) demarcada con puntos de color rojo.

A pesar de la infancia de los protocolos de códigos de barras de ADN en nuestro país, nuestro estudio demuestra el logro al identificar familias, géneros y especies de manera exitosa a partir de un tejido de dípteros necrófilos recolectados. Los resultados filogenéticos apoyan firmemente la hipótesis ya que los dípteros necrófilos pueden ser discriminados usando datos de secuencia de ADNmt, siendo una herramienta útil para lograr catalogar y delimitar organismos. La hipótesis filogenética resultante es considerada robusta ya que las topologías de los árboles obtenidos, usando los diferentes métodos (NJ y GMYC) son concordantes. Es importante rescatar, que en todos los casos presentaron valores de soporte de bootstrap >80%, en los análisis de NJ, lo cual es de gran importancia en la validación de la técnica de códigos de barras, porque demuestra su eficiencia en la discriminación entre especies. La asignación de organismos a nivel especie, en el caso de los individuos de las

familias Anthomyiidae (*Anthomyia pluvialis* y *Emmesomyia grisea*), Calliphoridae (*Calliphora latifrons*, *Calliphora vicina*, *Calliphora vomitoria*, *Chrysomya megacephala*, *Chrysomya rufifacies*, *Cochliomyia macellaria*, *Comptosomyiops callipes*, *Lucilia sericata* y *Phormia Regina*), Fanniidae (*Fannia canicularis* y *Fannia unguolata*), Muscidae (*Helina troene*, *Hydrotaea armipes*, *Hydrotaea spinigera*, *Muscina stabulans*, *Musca domestica* y *Synthesiomyia nudiseta*), Phoridae (*Megaselia rufipes* y *Megaselia scalaris*) y Sarcophagidae (*Helicobia rapax* y *Sarcophaga sarracenioides*). Se encontraron organismos que no fueron posible identificar a especie, ya sea porque no existe secuencia disponible o no están identificadas a ese nivel en las bases de datos o porque se trata de nuevas especies, por ejemplo en las familias: Chloropidae (1), Ephydriidae (1), Drosophilidae (2), Sarcophagidae (6), Muscidae (1), Anthomyiidae (1), Phoridae (4), Fanniidae (4) y Calliphoridae (1). Pueden existir organismos en proceso de divergencia y flujo génico originando grupos híbridos que pueden mostrar características morfológicas de distintas especies o dificultar su separación (Rieseberg, 1997; Eguiarte *et al.*, 2007), como lo es en el caso de *Lucilia coeruleiviridis* y *Lucilia pulverulenta*, las cuales presentan una morfología muy similar pero existen algunos caracteres que dificultaron su separación, del resto de las secuencias. Lo que nos lleva a ver en este estudio, la evidencia que otorga el gen COXI puede variar entre las especies de dípteros necrófilos de algunos géneros en específico, esto podría deberse a posibles casos de introgresión molecular, o debido a que los organismos tengan una divergencia genética muy reciente (Renaud *et al.*, 2012).

En este trabajo se presentaron algunas incongruencias entre la evidencia morfológica y la molecular, como en el caso de los especímenes asignados a varias especies identificadas dentro de una misma OTU (en el género *Lucilia*). Existen diversas causas potenciales, que obedecen a las limitaciones del uso de un marcador mitocondrial. Una posibilidad es que entre estas especies exista un fenómeno de separación incompleta de linajes, lo cual suele asociarse a especies de reciente divergencia, en las que la velocidad de divergencia morfológica es mayor a la divergencia molecular del marcador usado (Marshall *et al.*, 2011). Otra posibilidad puede estar asociada a la presencia de introgresión mitocondrial, entendida como el movimiento de genes de una especie a otra, a consecuencia de un proceso de hibridación interespecífica (Rubinoff y Holland, 2005). Un proceso de hibridación ha sido registrado en especies de dípteros, especialmente cuando éstas comparten parcial o totalmente los intervalos de distribución (por ejemplo, Marshall *et al.*, 2011). En estos casos el ADNmt no es suficientemente efectivo para la discriminación de algunas especies, lo cual es recomendable el uso de ADNnuclear para obtener datos más robustos.

A pesar de sus beneficios potenciales, en ocasiones se ha mencionado que el código de barras representa un conflicto (Wheeler, 2004; Will y Rubinoff, 2004; Ebach y Holdredge, 2005), ya que se sostiene que debido a la creciente demanda en los análisis filogenéticos moleculares existe una reducción en los trabajos taxonómicos tradicionales. Sin embargo, la disminución de la taxonomía no es una consecuencia de la creciente utilización de métodos moleculares, como ha sugerido Wheeler (2004). La estrategia más recomendable sería integrar al código de barras pretende a la conformación de una taxonomía integral (Hebert y

Gregory, 2005), basándose en conjuntar el mayor número de evidencias que puedan ayudar a la toma de decisión para la delimitación de las especies resultantes (Miller *et al.*, 2016).

El biomodelo utilizado en este trabajo fue el cerdo blanco (*Sus scrofa*) como análogo de cadáver humano. Debido a las consideraciones éticas que de manera obvia se impone a la experimentación con restos humanos, el uso de cerdos se ha considerado biológicamente similares como para proporcionar un buen modelo para el estudio de la dinámica de la muerte en humanos (Liria-Salazar, 2006). Tradicionalmente, el biomodelo de cerdo es uno de los más usados, ya que comparten una serie de características genéticas, anatómicas y fisiológicas (Kuzmuk y Schook, 2011; Meurens *et al.*, 2011; Gutierrez *et al.*, 2015) (por ejemplo, similitud en; peso, anatomía, evolución del proceso de descomposición, perfil metabólico, piel y folículos dérmicos del cabello) respecto al cuerpo humano (Liria-Salazar, 2006). En contraparte, hay estudios que no reconocen la utilidad del cerdo como modelo para estudiar aspectos de entomología forense, ya que mencionan que el humano representa un sistema al cual se atraen especies determinadas. La evidencia encontrada en este trabajo es consistente con la utilidad del cerdo como modelo para estudiar la diversidad de fauna de dípteros necrófilos, ya que se encontró la mayor parte de la diversidad que en estudios previos en cadáveres humanos. Lo anterior además valida el muestreo utilizado, ya que en sólo un año de muestreo siguiendo la metodología utilizada, se pudo encontrar más de la riqueza reportada en siete años que en el estudio de Molina *et al.* (2012).

El compilado obtenido de secuencias del gen COXI provenientes de dípteros necrófilos, tiene la finalidad de crear un catálogo como una herramienta de referencia, que podría utilizarse para asignar e identificar especímenes de interés a especies conocidas. Esto es especialmente importante en casos en los que existe una elevada complejidad para la determinación con caracteres morfológicos. Esta metodología puede ser aplicada en otras regiones del país como herramienta útil para conocer la diversidad de fauna necrófila de forma confiable y rápida. Varias precauciones deben considerarse, entre ellas, la posible identificación errónea debido a la presencia de hibridación o introgresión con otras especies, o la presencia de genes mitocondriales nucleares (pseudogenes).

CONCLUSIONES

9

9. CONCLUSIONES

Con base en los resultados de este trabajo, podemos fundamentar que la aplicación de la metodología de código de barras es un procedimiento adecuado, ya que por medio de muestras de tejido de dípteros necrófilos adultos recolectados en un periodo de ocho meses, se obtuvo la discriminación de organismos mediante criterios de congruencia entre la información morfológica y molecular, logrando la identificación y delimitación, de 23 especies incluidas en 9 familias, la estrategia de muestreo aplicado en este estudio nos permitió obtener una representación de la riqueza de especies de dípteros necrófilos.

Los aportes de la presente investigación servirán para futuros estudios ya que el conocimiento de la diversidad de dípteros necrófilos es el fundamento para llevar a cabo la correcta aplicación de estimas como el IPMmín. Los estudios sobre diversidad son un primer paso fundamental en un país megadiverso como México, este conocimiento se encuentra aún en un estado preliminar de desarrollo para muchos grupos, por lo que la fauna de interés forense en particular no es la excepción. Este estudio es una contribución de valor en vista de la escasez de datos sobre dípteros de interés forense en el país, facilitando su aplicación para fines médico-legales.

REFERENCIAS

10

10. REFERENCIAS

- Alessandrini, F., Mazzanti, M., Onofri, V., Turchi, C. y Tagliabracci, A. (2008). MtDNA analysis for genetic identification of forensically important insects. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 1(1), 584-585.
- Alfaro, D. C. (1998). *Estados inmaduros de insectos de las órdenes Ocoleoptera, Diptera y Lepidoptera: manual de reconocimiento* (No. 27). Costa Rica: Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza.
- Alroy, J. (2002). How many named species are valid?. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(6), 3706-3711.
- Ames, C., Turner, B. y Daniel, B. (2006). The use of mitochondrial cytochrome oxidase I gene (COI) to differentiate two UK blowfly species *Calliphora vicina* and *Calliphora vomitoria*. *Forensic science international*, 164(2), 179-182.
- Amendt, J., Krettek, R., y Zehner, R. (2004). Forensic entomology. *Naturwissenschaften*, 91(2), 51-65.
- Andere, A. A., Platt, R. N., Ray, D. A., y Picard, C. J. (2016). Genome sequence of *Phormia regina* Meigen (Diptera: Calliphoridae): implications for medical, veterinary and forensic research. *BMC genomics*, 17(1), 842.
- Anderson, G. S. (2001). Insect succession on carrion and its relationship to determining time of death. *Forensic entomology: the utility of arthropods in legal investigations*, 143, 76.
- Anguiano S. y Quiroz R. (2006). Sucesión de insectos en lechón (*Artiodactyla: Suidae*) en bosque de pino-encino de Mascota, Jalisco. *Entomología Mexicana* 5(2): 1158-1162.
- Ávalos-Hernández, O., Hernández-Ortiz, V. y Trujano-Ortega, M. (2016). *Moscas y mosquitos (Diptera)*. En: *La biodiversidad en la Ciudad de México, vol. II. conabio/sedema*, México, pp.363-369.
- Avila, F. W. y Goff, M. L. (1998). Arthropod succession patterns onto burnt carrion in two contrasting habitats in the Hawaiian Islands. *Journal of Forensic Science*, 43(3), 581-586.
- BEAUti and the BEAST. Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., and Rambaut, A. (2012). *Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7*. *Molecular Biology and Evolution*, 29: 1969-1973.
- Benecke, M. (2001). A brief history of forensic entomology. *Forensic Science International*, 120(1), 2-14.
- Bickford, D., Lohman, D., Sodhi, N., Ng, P., Meier, R., Winker, K. y Das, I. (2007). Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in ecology y evolution*, 22(3), 148-155.
- Blackith, R. y Blackith, R. (1990). Insect infestations of small corpses. *Journal of Natural History*, 24(3), 699-709.

- Blaxter, M., Mann, J., Chapman, T., Thomas, F., Whitton, C., Floyd, R., y Abebe, E. (2005). Defining operational taxonomic units using DNA barcode data. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1935-1943.
- Boehme, P., Amendt, J. y Zehner, R. (2012). The use of COI barcodes for molecular identification of forensically important fly species in Germany. *Parasitology research*, 110(6), 2325-2332.
- BOLD. Student Data Portal. *Barcode of Life Data System*. (15, enero, 2017). Formato recuperado de: http://v3.boldsystems.org/index.php/SDP_Home
- Boore, J. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic acids research*, 27(8), 1767-1780.
- Byrd, J. H. y Castner, J. L. (2010). *Forensic Entomology: the utility of arthropods in legal investigations*. 2nd ed, Boca Raton: CRC Press.
- Bueno, J., Álvarez, F. y Santiago S. (2005). *Biodiversidad del estado de Tabasco*. México, D.F: UNAM.
- Caceres, A. y Arlett, D. (2014). *Dípteros coprófagos y necrófagos de otoño e invierno en Gómez Palacio, Durango*. Tesis de licenciatura. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, Coahuila, México. 41 p.
- Campobasso, C., Di Vella, G. e Introna, F. (2001). Factors affecting decomposition and Diptera colonization. *Forensic science international*, 120(1), 18-27.
- Campbell, N., Mitchel, L. y Reece, J. (2001). *Biología: Conceptos y relaciones*. México: Pearson Educación.
- Casiraghi, M., Labra, M., Ferri, E., Galimberti, A. y De Mattia, F. (2010). DNA barcoding: a six-question tour to improve users' awareness about the method. *Briefings in bioinformatics*, 11(4), 440-453.
- Castillo-Argüero, S., Martínez-Orea, Y., Romero-Romero, M., Guadarrama-Chávez, P., Núñez-Castillo, O., Sánchez-Gallén, I. y Meave, J. (2007). *La reserva ecológica del Pedregal de San Ángel: Aspectos florísticos y ecológicos*. Coordinación de la Investigación Científica. Universidad Nacional Autónoma de México, México, DF.
- Catts, E. P. y Goff, M. L. (1992). Forensic entomology in criminal investigations. *Annual review of entomology*, 37(1), 253-272.
- CBOL. (2017). **Consortium for the Barcode of Life**. Disponible en <http://barcoding.si.edu>. Consultado el 7 de septiembre de 2017.
- CCDB. The Canadian Centre for DNA Barcoding. (12, junio, 2017). Formato recuperado de: <http://ccdb.ca/pricing/>
- Ceccarelli, F., Sharkey, M. y Zaldívar-Riverón, A. (2012). Species identification in the taxonomically neglected, highly diverse, neotropical parasitoid wasp genus *Notiospathius* (Braconidae: Doryctinae) based on an integrative molecular and morphological approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 62(1), 485-495.
- Cham, D. T. (2017). *Diversity of honey bee *Apis mellifera* subspecies (hymenoptera: apidae) and their Associated arthropod pests in cameroon* (doctoral dissertation, university of nairobi).

- Chang, H., Hao, D., Xiao, R., Liu, Y., Qian, L., An, Y. y Yang, X. (2012). DNA barcoding based on the mitochondrial COI gene sequences for *Ips* species (Coleoptera: Scolytidae). *Acta Entomologica Sinica*, 9, 014.
- Chapman, R., Simpson, S. y Douglas, A. (2013). *The insects: structure and function*. Cambridge University Press. 5th ed.
- Chen, W., Hung, T. y Shiao, S. (2004). Molecular identification of forensically important blow fly species (Diptera: Calliphoridae) in Taiwan. *Journal of Medical Entomology*, 41(1), 47-57.
- Clayton, D. (1991). Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA. *Annual review of cell biology*, 7(1), 453-478.
- Coleman, A. y Vacquier, V. (2002). Exploring the phylogenetic utility of ITS sequences for animals: a test case for abalone (*Haliotis*). *Journal of molecular evolution*, 54(2), 246-257.
- Cornejo, R., Serrato, D., Aguilar, B. y Munive, M. (2014). *Herramientas moleculares aplicadas en ecología: Aspectos teóricos y prácticos*. SEMARNAT, INECC, UAM-I, 274 p.
- Cornel, A., Porter, C. y Collins, F. (1996). Polymerase chain reaction species diagnostic assay for *Anopheles quadrimaculatus* cryptic species (Diptera: Culicidae) based on ribosomal DNA ITS2 sequences. *Journal of medical entomology*, 33(1), 109-116.
- Cox, A. y Hebert, P. (2001). Colonization, extinction, and phylogeographic patterning in a freshwater crustacean. *Molecular Ecology*, 10(2), 371-386.
- Cracraft, J. (1983). Species concepts and speciation analysis. *Current ornithology*, 1(4), 159-187.
- Cruz, F., Ramírez, M., Amador, E. y Rodríguez, A. (2012). Diversidad biológica de familias de insectos necrófilos (Diptera y Coleoptera) del bosque tropical caducifolio del municipio de Jungapeo, Michoacán, México. *Sociedad Mexicana de Entomología A*. 530-535 pp.
- Darriba D, Taboada G., Doallo, R. y Posada, D. (2012). jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9(8), 772.
- Day, D. y Wallman, J. (2008). Effect of preservative solutions on preservation of *Calliphora* augur and *Lucilia cuprina* larvae (Diptera: Calliphoridae) with implications for post-mortem interval estimates. *Forensic science international*, 179(1), 1-10.
- De Carvalho, Couri, M., Pont, A., Pamplona, D. y Lopes, S. (2005). A catalogue of the Muscidae (Diptera) of the Neotropical Region. *Zootaxa*, 860(1), 1-282.
- De Jesús, B., Pedraza-Lara, C y Zaldívar, R. (2018). Métodos de delimitación de especies y su importancia en entomología forense. En: Z., García-Castillo. *Temas de vanguardia en ciencia forense*. México: Tirant lo Blanch.
- De la Barrera-Escamilla, D. (1999). Insectos degradadores importantes para el establecimiento del tiempo de muerte en vertebrados. *Resúmenes XXXIV Congreso Nacional de Entomología, SME*, pp. 613-619

- Deloya, C., Ruiz-Lizarrago, G. y Morón, M. (1987). Análisis de la entomofauna necrófila en la región de Jojutla, Morelos, México. *Folia Entomológica Mexicana*.
- Denno, R. y Cothran, W. (1976). Competitive interactions and ecological strategies of sarcophagid and calliphorid flies inhabiting rabbit carrion. *Annals of the entomological Society of America*, 69(1), 109-113.
- De Queiroz, K., Howard, D. y Berlocher, S. (1998). *The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation: A conceptual unification and terminological recommendations*. New York: Oxford University Press.
- De Queiroz, K. (2007). Species concepts and species delimitation. *Systematic biology*, 56(6), 879-886.
- Dick, C., Roubik, D., Gruber, K. y Bermingham, E. (2004). Long-distance gene flow and cross-Andean dispersal of lowland rainforest bees (Apidae: Euglossini) revealed by comparative mitochondrial DNA phylogeography. *Molecular Ecology*, 13(12), 3775-3785.
- Disney, R. (1983). A useful new character in the giant genus *Megaselia* (Diptera: Phoridae), with two new species from Britain. *Zeitschrift für angewandte Zoologie*.
- Domínguez, R. R. (1995). *Taxonomía 3. Strepsiptera a Hymenoptera, claves y diagnosis. Orden Díptera*. UACH. México: Sagitario.
- Doorenweerd, C. y Beentjes, K. (2012). *Extensive guidelines for preserving specimen or tissue for later DNA work*.
- Douglas, L. y Haymer, D. (2001). Ribosomal ITS1 polymorphisms in *Ceratitis capitata* and *Ceratitis rosa* (Diptera: Tephritidae). *Annals of the Entomological Society of America*, 94(5), 726-731.
- Dreamstime. (2010). Identificación: 13752229. Crédito Unteroffzier. Disponible en: <https://es.dreamstime.com>. Fecha de acceso: 13 de febrero del 2018.
- Dreamstime. (2018). Identificación: 5742546. Crédito Bernd Meiseberg. Disponible en: <https://es.dreamstime.com>. Fecha de acceso: 13 de febrero del 2018.
- Ebach, M. y Holdrege, C. (2005). DNA barcoding is no substitute for taxonomy. *Nature*, 434(7034), 697.
- Eguiarte, L., Souza, V. y Aguirre, X. (2007). *Ecología molecular*. Semanrant, Conabio, UNAM. D.F., México: Instituto de Ecología.
- Erzinçlioğlu, Y. Z. (2000). *Maggots, Murder and men: memories and reflections of a forensic entomologist*. Colchester: Harley Press.
- Farrell, B. (2001). Evolutionary assembly of the milkweed fauna: Cytochrome oxidase I and the age of Tetraopesbeetles. *Molecular phylogenetics and evolution*, 18(3), 467-478.
- Flores, P., Sánchez A., Ibáñez, B. y García, G. (2008a). Insectos sarcosaprofagos asociados a la descomposición cadavérica de *Sus scrofa*. En Texcoco, México. *Entomología Mexicana* 7: 764-768.
- Flores, P., Sánchez A., Ibáñez, B. y García, G. (2008b). *Lucilia eximia* (Wiedemann) (Diptera: Calliphoridae) en *Sus scrofa* en Texcoco, México. *Entomología Mexicana* 7: 769-774.

- Florez, E. y Wolff, M. (2009). Descripción y clave de los estadios inmaduros de las principales especies de Calliphoridae (Diptera) de importancia forense en Colombia. *Neotropical entomology*, 38(3), 418-429.
- Folmer, O., Hoeh, W., Lutz R. y Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol Mar Biol Biotechnol*, 3(5), 294-299.
- Footit, R. y Adler, P. (2009). *Insect biodiversity: science and society*. John Wiley y Sons.
- Fujisawa, T. y Barraclough, T. (2013). Delimiting species using single-locus data and the Generalized Mixed Yule Coalescent approach: a revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic biology*, 62(5), 707-724.
- Gallegos, M., Ordaz, S., Sánchez, P., Flores, F., García, M. y Salas-Marina. (2012). Códigos de barra de ADN como herramienta para la identificación de insectos. *Sociedad Mexicana de Entomología A. C. II Simposio Latinoamericano de Entomología Forense*, 12(II), 1651-1655.
- Galloway, A., Birkby, W., Jones, A., Henry, T. y Parks, B. (1989). Decay rates of human remains in an arid environment. *Journal of Forensic Science*, 34(3), 607-616.
- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S. y Hurst, G. (2009). Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular ecology*, 18(22), 4541-4550.
- García, E. (1964). *Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen (para adaptarlo a las condiciones de la República Mexicana)*. Edit. Comisión Nacional para el Estudio de la Biodiversidad (CONABIO). México.
- Garesse, R. y Kaguni, L. (2005). A Drosophila model of mitochondrial DNA replication: Proteins, genes and regulation. *Iubmb Life*, 57(8), 555-561.
- Gennard, D. (2012). *Forensic entomology: an introduction*. John Wiley y Sons. Wiley-Blackwell.
- Gettyimages. (2014). Identificación: 492779541. Crédito De Agostini Picture Library. Disponible en: [http:// www.gettyimages.com](http://www.gettyimages.com). Fecha de acceso: 03 de abril del 2017.
- Gettyimages. (2017). Identificación: 173737107. Crédito André De Kesel. Disponible en: [http:// www.gettyimages.com](http://www.gettyimages.com). Fecha de acceso: 23 de marzodel 2017.
- Gettyimages. (2018). Identificación: 758375117. Crédito Adam Fletch. Disponible en: [http:// www.gettyimages.com](http://www.gettyimages.com). Fecha de acceso: 10 de enero del 2018.
- GilArriortua, M., Bordas, M., Cainé, L., Pinheiro, F. y De Pancorbo, M. (2013). Cytochrome b as a useful tool for the identification of blowflies of forensic interest (Diptera, Calliphoridae). *Forensic science international*, 228(1), 132-136.
- GMYC. (2017). Disponible en: <http://species.h-its.org/gmyc/>. Fecha de acceso: 21 de enero de 2017.
- Grzywacz, A., Wyborska, D. y Piwczyński, M. (2017). DNA barcoding allows identification of European Fanniidae (Diptera) of forensic interest. *Forensic science international*, 278, 106-114.
- Goff, M. (2009). Early post-mortem changes and stages of decomposition in exposed cadavers. *Experimental and Applied Acarology*, 49(1-2), 21-36.

- Goff, M. (2000). A fly for the prosecution. How insect evidence helps solve crimes. *Cambridge, Massachusetts: Harvard University Press.*
- Gómez de Silva, H. (2003). Conservación de aves: experiencias en México. *Sección Mexicana del Consejo Internacional para la Preservación de las Aves, A. C. CIPAMEX. CONABIO. México, D. F.*
- González, G, Rodríguez A. y Quiroz M. (2006). Observaciones sobre el crecimiento de *Sarcophaga haemorrhoidalis* (Fallen) (Diptera Sarcophagidae), insecto de importancia forense. *Entomología Mexicana* 5(1): 387-390.
- Grimaldi, D. y Engel, M. S. (2005). *Evolution of the Insects*. Cambridge University Press.
- Groenen, M., Archibald, A., Uenishi, H., Tuggle, C. Takeuchi, Y., Rothschild, M. y Li, S. (2012). Analyses of pig genomes provide insight into porcine demography and evolution. *Nature*, 491(7424), 393-398.
- Guindon, S. y Gascuel, O. (2003). A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood. *Systematic Biology* 52: 696-704.
- Gullan, P. J. y Cranston, P. S. (2014). *The insects: an outline of entomology*. 2nd ed. Inglaterra, Chichester: John Wiley y Sons.
- Gunn, A. (2011). *Essential forensic biology*. John Wiley & Sons, 440 p.
- Gutierrez, K., Dicks, N., Glanzner, W., Agellon, L. y Bordignon, V. (2015). Efficacy of the porcine species in biomedical research. *Frontiers in genetics*, 6.
- Haag-Liautard, C., Coffey, N., Houle, D., Lynch, M., Charlesworth, B. y Keightley, P. (2008). Direct estimation of the mitochondrial DNA mutation rate in *Drosophila melanogaster*. *PLoS biology*, 6(8), e204.
- Han, H. Y. y Ro, K. E. (2005). Molecular phylogeny of the superfamily Tephritoidea (Insecta: Diptera): new evidence from the mitochondrial 12S, 16S, and COII genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 34(2), 416-430.
- Han, H. y Ro, K. (2016). Molecular phylogeny of the superfamily Tephritoidea (Insecta: Diptera) reanalysed based on expanded taxon sampling and sequence data. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 54(4), 276-288.
- Haskell, N., Schoenly, K., Hall, R. (2002). Testing reliability of animal models in research and training programs in forensic entomology, part II, final report. *U.S. National Criminal Justice Reference Service*. 81:52-58.
- Haskell, N. y Williams, R. (1990). Collection of entomological evidence at the death scene. *Entomology and death: A procedural guide*, 82-97.
- Harvey, M., Gaudieri, S., Villet, M. y Dadour, I. (2008). A global study of forensically significant calliphorids: implications for identification. *Forensic science international*, 177(1), 66-76.
- Hebert, P., Cywinska, A., y Ball, S. (2003a). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.

- Hebert, P., Ratnasingham, S. y Waard, J. (2003b). Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(Suppl 1), S96-S99.
- Hebert, P. y Gregory, T. (2005). The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic biology*, 54(5), 852-859.
- Hebert, P., Penton, E., Burns, J., Janzen, D. y Hallwachs, W. (2004b). Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astraptes fulgerator*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(41), 14812-14816.
- Hebert, P., Stoeckle, M., Zemplak, T. y Francis, C. (2004a). Identification of birds through DNA barcodes. *PLoS biology*, 2(10), e312.
- Hernández, C., Delgado, Ch., Chávez, B., Díaz, T. y Garza. (2007). Tipificación de ADN humano de larvas de moscas en un cuerpo en descomposición en Nuevo León, México. *Entomología Mexicana* 6(2): 851-855.
- Hebert, P., Ratnasingham, S., Zakharov, E., Telfer, A., Levesque-Beaudin, V., Milton, M. y Jannetta, P. (2016). Counting animal species with DNA barcodes: Canadian insects. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 371(1702), 20150333.
- Herrera, J.J. y Etcheverry, C.M. (1958). *Curso teórico práctico de entomología*. Universidad de Chile. Cátedra de Entomología. Chile: Editorial Universitaria.
- Hickman, C. P., Roberts, L. S., Larson, A., L'Anson, H., y Eisenhour D. (2006). *Integrated principles of zoology*. New York: McGraw-Hill.
- Howard, L. O. (1911). *The house fly-disease carrier*. New York: Frederick A. Stokes Company.
- <http://species.h-its.org/> (11, enero, 2017). Formato recuperado de: <http://species.h-its.org/>
- Hu, L., Jianyu, G., Haiyu, L. y Wanzhi, C. (2009). Progress in the researches on insect mitochondrial genome and analysis of gene order. *Science Foundation in China*, 17(2), 39.
- Huang, J. y Chen, H. (2016). The genus *Leucophenga* (Diptera, Drosophilidae), part VI: the *argentata* species group from the East Asia, with morphological and molecular evidence. *Zootaxa*, 4161(2), 207-227.
- Huang, J., Li, T. y Chen, H. (2014). The genus *Leucophenga* (Diptera, Drosophilidae), part IV: the *ornata* species group from the East Asia, with morphological and molecular evidence (II). *Zootaxa*, 3893(1), 1-55.
- iBOL. The International Barcode of Life Project. (25, octubre, 2016). Formato recuperado de: <http://barcoding.si.edu>
- iBOL. The International Barcode of Life Project. (17, octubre, 2016). Formato recuperado de: <http://ibol.org/>
- INEGI. (2017). Instituto Nacional de Estadística y Geografía. Disponible en: <http://www.inegi.org.mx/>. Fecha de acceso: 5 de septiembre de 2017.
- Jarman, S. N. y Elliott, N. (2000). DNA evidence for morphological and cryptic Cenozoic speciations in the Anaspididae, 'living fossils' from the Triassic. *Journal of Evolutionary Biology*, 13(4), 624-633.

- Jordaens, K., Sonet, G., Braet, Y., De Meyer, M., Backeljau, T., Goovaerts, F. y Desmyter, S. (2013). DNA barcoding and the differentiation between North American and West European *Phormia regina* (Diptera, Calliphoridae, Chrysomyinae). *ZooKeys*, (365), 149.
- Joseph, I., Mathew, D., Sathyan, P. y Vargheese, G. (2011). The use of insects in forensic investigations: An overview on the scope of forensic entomology. *Journal of forensic dental sciences*, 3(2), 89.
- Junqueira, A., Azeredo-Espin, A., Paulo, D., Marinho, M., Tomsho, L., Drautz-Moses, D. y Schuster, S. (2016). Large-scale mitogenomics enables insights into *Schizophora* (Diptera) radiation and population diversity. *Scientific reports*, 6, 21762.
- Kamal, A. (1958). Comparative Study of Thirteen Species of Sarcosaprophagous Calliphoridae and Sarcophagidae (Diptera) 1 I. Bionomics. *Annals of the Entomological Society of America*, 51(3), 261-271.
- Kahanpää, J. y Salmela, J. (2014). *Checklist of the Diptera of Finland*. Pensoft. *ZooKeys*, (441).
- Kandul, N., Lukhtanov, V., Dantchenko, A., Coleman, J., Sekercioglu, C., Haig, D. y Pierce, N. (2004). Phylogeny of *Agrodiaetus* Hübner 1822 (Lepidoptera: Lycaenidae) inferred from mtDNA sequences of COI and COII and nuclear sequences of EF1- α : Karyotype diversification and species radiation. *Systematic Biology*, 53(2), 278-298.
- Khoso, F., Wong, S., Chia, S. y Lau, W. (2015). Assessment of non-biting synanthropic flies associated with fresh markets. *Journal of Entomology and Zoological Studies*, 3(1), 13-20.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*, 16(2), 111-120.
- Knight, B. (1991). *Forensic Pathology*. Ed. Arnold, London. 666 p.
- Knowlton, N. (1993). Sibling species in the sea. *Annual review of ecology and systematics*, 24(1), 189-216.
- Köppen, W. (1948). *Climatología, con un estudio de los climas de la Tierra*. Edit. Fondo de Cultura Económica.
- Kosmann, Cecília (2009). *Código de barras (DNA Barcode) de dípteros de interesse forense*. Tesis de posgrado en Entomología. Universidade Federal do Paraná. Curitiba, Brasil.
- Kozlov, M. Whitworth, T. (2002). Population densities and diversity of Calliphoridae (Diptera) around a nickel-copper smelter at Monchegorsk, Northwestern Russia. *Entomologica Fennica*, 13(2), 98-104.
- Kutty, S., Pape, T., Wiegmann, B. y Meier, R. (2010). Molecular phylogeny of the Calypttratae (Diptera: Cyclorrhapha) with an emphasis on the superfamily Oestroidea and the position of Mystacinobiidae and McAlpine's fly. *Systematic Entomology*, 35(4), 614-635.

- Kuzmuk, K. y Schook, L. (2011). Pigs as a model for biomedical sciences. *The genetics of the pig*, 2, 426-444.
- Lan, L., Liu, Y., Yan, J., Lin, L. y Zha, L. (2016). The complete mitochondrial genome of the flesh fly, *Muscina stabulans* (Diptera: muscidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6), 4069-4070.
- Lanteri, A. (2007). Código de barras del ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la Entomología. *Revista de la Sociedad Entomológica Argentina*, 66(3-4), 15-25.
- Lanteri, A., Fernández, L. y Gallardo, F. (2004). *Nomenclatura Biológica. Sistemática Biológica: fundamentos teóricos y ejercitaciones*. EDULP, 21-33.
- Leccese, A. (2004). Insects as forensic indicators: methodological aspects. *Aggrawal's Internet Journal of Forensic Medicine and Toxicology*, 5(1), 26-32.
- Levins R. 1969. Some demographic and genetic consequences of environmental heterogeneity for biological control. *Bull. Entomol. Soc. Am.* 15:237-240.
- Liria Salazar, J. (2006). Insectos de importancia forense en cadáveres de ratas, Carabobo-Venezuela. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 23(1), 33-38.
- Llorente-Bousquets, J., y Ocegueda, S. (2008). Capítulo 11. Estado del conocimiento de la biota. En *Capital natural de México, vol. I: Conocimiento actual de la biodiversidad*. (pp 283-322). México: Conabio.
- Leuchtman, A. (2007). Botanophila flies on Epichloë host species in Europe and North America: no evidence for co-evolution. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 123(1), 13-23.
- Lord, W. D., y Stevenson, J. R. (1986). *Directory of forensic entomologists*. 2nd ed. Washington, DC: Defense Pest Management Information Analysis Center, Walter Reed Army Medical Center.
- Lot, A. (2007). *Guía ilustrada de la Cantera Oriente: caracterización ambiental e inventario biológico*. Mexico City: Secretaría Ejecutiva de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel Coordinación de la Investigación Científica UNAM. 253 p.
- López, A., Changollan, A., Martín del Campo, A., García, R., Contreras, G. y García V. (2006). *Ecología*. México: Ediciones Umbral.
- Magaña, C. (2001). La entomología forense y su aplicación a la medicina legal. Data de la muerte. *Boletín de la Sociedad Entomológica Aragonesa*, 28(49), 161.
- Márquez Luna, J. (2005). Técnicas de colecta y preservación de insectos. *Boletín Sociedad Entomológica Aragonesa*, 37:385 – 408.
- Marshall, D., Hill, K., Cooley, J. y Simon, C. (2011). Hybridization, mitochondrial DNA phylogeography, and prediction of the early stages of reproductive isolation: lessons from New Zealand cicadas (Genus *Kikihia*). *Systematic Biology*, 60(4), 482-502.
- Martínez, J. R., Blanco, M. y Rodríguez, V. (2014). *Ecología*. Madrid: Ediciones Pirámide.
- Martínez-Luque, E. O. (2014). *Estudio faunístico de la familia Elateridae (insecta: Coleoptera) en la estación de biología Chamela, Jalisco, México*. Tesis de licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México. 110 p.

- Martínez, R., Escoto, R. y Tafoya, F. (2007). Sucesión de insectos necrófagos en *Sus scrofa*, durante el periodo estacional de primavera en la ciudad de Aguascalientes. *Entomología Mexicana* 6(2): 880-884.
- McAlpine, J. (1989). Phylogeny and classification of the Muscomorpha. *Manual of nearctic Diptera*, 3, 1397-1518.
- McDonagh, L. y Stevens, J. (2011). The molecular systematics of blowflies and screwworm flies (Diptera: Calliphoridae) using 28S rRNA, COX1 and EF-1 α : insights into the evolution of dipteran parasitism. *Parasitology*, 138(13), 1760-1777.
- Meurens, F., Summerfield, A., Nauwynck, H., Saif, L. y Gerdts, V. (2012). The pig: a model for human infectious diseases. *Trends in microbiology*, 20(1), 50-57.
- Miller, S., Hausmann, A., Hallwachs, W. y Janzen, D. (2016). Advancing taxonomy and bioinventories with DNA barcodes. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 371(1702), 20150339.
- Molina, Ch., Luy, Q., Nava, H. y Galindo, M. (2006). Datos preliminares de la captura de dípteros relacionados con el proceso de descomposición cadavérica en la Cd. de México. *Entomología Mexicana* 5(2): 925-930.
- Molina, C. (2009). *Conformación del laboratorio de entomología forense en la procuraduría general de justicia del distrito federal (PGJDF)*. Tesis de licenciatura. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México, 62 p.
- Molina, C., Hernández, M., Luy, Q., Gallardo, B., Gutiérrez, R., Galindo, M. y Miranda, N. (2012). Distribución de dípteros asociados con las fases de degradación cadavérica de humanos en el distrito federal, México. *Sociedad Mexicana de Entomología A. C. II Simposio Latinoamericano de Entomología Forense*. 12(2), 1749-1755,
- Monaghan, M., Wild R., Elliot, M., Fujisawa, T., Balke, M., Inward, D., Lees, D., Morón, M. y Terrón, R. (1984). Distribución altitudinal y estacional de los insectos necrófilos en la Sierra Norte de Hidalgo, México. *Acta Zoológica Mexicana*, 3, 1-47.
- Moron, M. y Valenzuela-González, J. (1993). Estimación de la biodiversidad de insectos en México; análisis de un caso. *Sociedad Mexicana de Entomología, A. C. Instituto de Ecología. Revista de la Sociedad Mexicana de Historia Natural*, 44, 303-312.
- Morón, M., y Terrón, R. (1984). Distribución altitudinal y estacional de los insectos necrófilos en la Sierra Norte de Hidalgo, México. *Acta Zoológica Mexicana*, 3, 1-47.
- Morrone, J., Espinosa-Organista, D., Fortino-Okulewicz, A. y Posadas, P. (1999). *El arca de la Biodiversidad*. México, D.F: U.N.A.M.
- Nava, H., Basurto, P., Molina, Ch., Luy, Q., Gutiérrez, R. y Galindo, M. (2008). Determinación de ADN humano en larvas de dípteros colectadas en distintos tejidos. *Entomología Mexicana* 7: 798-802.
- NCBI. (2017). National Center for Biotechnology Information. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Fecha de acceso: 03 de enero de 2017.
- Nelson, L., Lambkin, C., Batterham, P., Wallman, J., Dowton, M., Whiting, M. F. y Cameron, S. (2012). Beyond barcoding: A mitochondrial genomics approach to molecular phylogenetics and diagnostics of blowflies (Diptera: Calliphoridae). *Gene*, 511(2), 131-142.

- Nihei, S. y De Carvalho, C. (2009). The Muscini flies of the world (Diptera, Muscidae): identification key and generic diagnoses. *Zootaxa*, 1976(1), 1-24.
- Núñez, R., Liria, S. y Tocci, N. (2016). Dípteros de importancia forense en adyacencias de la morgue del Hospital Adolfo Prince Lara, Puerto Cabello, Edo. Carabobo-Venezuela. *Salus*, 20(1), 22-26.
- Núñez-Vázquez, C., Tomberlin, J. y García-Martínez, O. (2010). First Record of the Blow Fly *Calliphora grahami* from Mexico. *Southwestern Entomologist*, 35(3), 313-316.
- Oliveira, A., Farinha, A., Rebelo, M. y Dias, D. (2011). Forensic entomology: molecular identification of blowfly species (Diptera: Calliphoridae) in Portugal. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 3(1), e439-e440.
- Ortiz, R. (2017). *Establecimiento de la colección de artrópodos de referencia forense para la licenciatura en Ciencia Forense de la UNAM*. Tesis de licenciatura. Facultad de Ciencias. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Ornelas-García, C., Bastir, M. y Doadrio, I. (2014). Morphometric variation between two morphotypes within the *Astyanax* Baird and Girard, 1854 (Actinopterygii: Characidae) genus, From a Mexican tropical lake. *Journal of morphology*, 275(7), 721-731.
- Padial, J., Miralles, A., De la Riva, I. y Vences, M. (2010). The integrative future of taxonomy. *Frontiers in zoology*, 7(1), 16.
- Papadopoulou, A., Anastasiou, I. y Vogler, A. (2010). Revisiting the insect mitochondrial molecular clock: the mid-Aegean trench calibration. *Molecular Biology and Evolution*, 27(7), 1659-1672.
- Passarge, E. (2009). *Genética texto y atlas*. Ed. Médica Panamericana.
- Pedraza-Lara, C. (2016). El estudio de la fauna en el ámbito forense: revisión y enfoques de frontera. En: Z. García-Castillo y A. Álvarez. *Ciencia Forense en el contexto del nuevo sistema de justicia penal* (pp. 69-92). México: Tribunal Superior de Justicia de la Ciudad de México.
- Pedraza-Lara, C. y Vergara-Pineda, S. (2017). El estado del arte de la entomología forense en México. En: Z. García-Castillo y M. Bravo-Gómez. *El estado de las artes forenses en México* (pp. 235-254). México: Tirant lo Blanch.
- Pereda-Breceda, V., Martínez-Nevárez, L., Barrios-Irigoyen, R. y Esmeralda, S. (2012). Comparación de la entomofauna necrófaga descomponedora en tres tipos de vertebrados en la región de nombre de Dios, Durango, México.
- Pérez, J. y Henao, D. (2015). Código de barras genético para la identificación de dípteros de importancia forense. *Ciencias forenses y de la salud*, 9(9).
- Pigliucci, M., Murren, C. y Schlichting, C. (2006). Phenotypic plasticity and evolution by genetic assimilation. *Journal of Experimental Biology*, 209(12), 2362-2367.
- Pinterest. (2017). Sharp, E., Sciarra, P. y Silbermann, B. Disponible en: <https://www.pinterest.com.mx/>. Fecha de acceso: 6 de marzo de 2017.

- Pons, J., Barraclough, T., Gomez-Zurita, J., Cardoso, A., Duran, D., Hazell, S. y Vogler, A. (2006). Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic biology*, 55(4), 595-609.
- Quintero, M., Eleno, V., Juárez, V., Marmolejo y Flores. (2006). Comunicación de algunos casos que competen a la Entomología Forense. *Entomología Mexicana*. 5(2): 904-907.
- Quiroz, M., Rodríguez C., Meléndez, L. y Alanís R. (2008). Insectos necrófagos en el bosque del Parque Ecológico Chipinque. *Entomología Mexicana* 7: 735-738.
- Ranaivosolo, R., Barraclough, T. y Vogler, A. (2009). Accelerated species inventory on Madagascar using coalescent-based models of species delimitation. *Systematic Biology* 58: 298- 311.
- Ratnasingham, S. y Hebert, P. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular ecology notes*, 7(3), 355-364.
- Renaud, A., Savage, J. y Adamowicz, S. (2012). DNA barcoding of Northern Nearctic Muscidae (Diptera) reveals high correspondence between morphological and molecular species limits. *BMC ecology*, 12(1), 24.
- Rieseberg, L. (1997). Hybrid origins of plant species. *Annual review of Ecology and Systematics*, 28(1), 359-389.
- Rivers, D. y Dahlem, G. (2013). *The science of forensic entomology*. Inglaterra, Chichester: John Wiley y Sons.
- Rivera, R. (2014). Abundancia estacional de formas inmaduras (larvas LIII) de la familia Calliphoridae (Diptera: Calliphoridae) sobre carroña de puerco en un área semidesértica de Coahuila. *Universidad Autónoma Agraria*. 55 p.
- REPSA. (2013). Secretaría Ejecutiva de la Reserva Ecológica Pedregal de San Ángel. Portal oficial de la Reserva Ecológica Pedregal de San Ángel. Coordinación de la Investigación Científica, UNAM. Ciudad Universitaria, México, D.F. Disponible en: <http://www.repsa.unam.mx>. Fecha de acceso: 23 de agosto de 2017.
- Roderick, G. y Lane, R. (2005). Towards writing the encyclopaedia of life: an introduction to DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B. Biological Sciences*, 360(1462), 1805-1811.
- Rolo, E., Oliveira, A., Dourado, C., Farinha, A., Rebelo, M. y Dias, D. (2013). Identification of sarcosaprophagous Diptera species through DNA barcoding in wildlife forensics. *Forensic Science International*, 228(1), 160-164.
- Rubinoff, D. y Holland, B. (2005). Between two extremes: mitochondrial DNA is neither the panacea nor the nemesis of phylogenetic and taxonomic inference. *Systematic biology*, 54(6), 952-961.
- Rueda-Salazar, A. y Cano-Santana, Z. (2009). *Artrópodo-fauna. Biodiversidad del ecosistema del Pedregal de San Ángel*. Universidad Nacional Autónoma de México. México, DF, 171-201 pp.
- Rzedowski, J. (1954). *Vegetation of Pedregal de San Ángel*. Anales de la Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN, Mexico, 8, 59-129.

- Saigusa, K., Takamiya, M. y Aoki, Y. (2005). Species identification of the forensically important flies in Iwate prefecture, Japan based on mitochondrial cytochrome oxidase gene subunit I (COI) sequences. *Legal Medicine*, 7(3), 175-178.
- Saitou, N. y Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*, 4(4), 406-425.
- Sánchez-Álvarez, G. y Cupul-Magaña, F. (2012). Sobre la presencia de moscas califóridas (Diptera: Calliphoridae) en cadáveres de juveniles de cocodrilo americano (*Crocodylus acutus*) en Puerto Vallarta, Jalisco. *BIOCYT, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México*, 5(19): 353-357.
- Savolainen, V., Cowan, R., Vogler, A., Roderick, G. y Lane, R. (2005). Towards writing the encyclopaedia of life: an introduction to DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1805-1811.
- Saito, S., Tamura, K. y Aotsuka, T. (2005). Replication origin of mitochondrial DNA in insects. *Genetics*, 171(4), 1695-1705.
- Sambrook, J., Fritsch, E. F. y Maniatis, T. (1989). Molecular cloning: a laboratory manual (No. Ed. 2). *Cold spring harbor laboratory press*. Savolainen, V., Cowan, R. S., Vogler, A. P.,
- Schoenly, K. y Hall, R. (2002). Testing reliability of animal models in research and training programs in forensic entomology, part II, final report. *US Department of Justice Report, National Criminal Justice Reference Service, Rockville, MD*.
- SEREPSA. (2008). *Manual de Procedimientos*. Programa de Adopción de la Reserva Ecológica del Pedregal de San Ángel. Secretaría Ejecutiva REPSA, Coordinación de la Investigación Científica, UNAM, México, 108 p.
- Sites, J. y Marshall, J. (2003). Delimiting species: a Renaissance issue in systematic biology. *Trends in Ecology y Evolution*, 18(9), 462-470.
- Smith, K. G. V. (1986). A Manual of Forensic Entomology. The Trustees of the British Museum (Natural History): London. *British Museum (Natural History) and Cornell University Press*. 205 p.
- Solano, J., Wolff, M. y Castro, L. (2013). Identificación molecular de califóridos (Diptera: Calliphoridae) de importancia forense en Colombia. *Revista Colombiana de Entomología*, 39(2).
- Song, H., Buhay, J., Whiting, M. y Crandall, K. (2008). Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified. *Proceedings of the national academy of sciences*, 105(36), 13486-13491.
- Stamper, T., Dahlem, G., Cookman, C. y Debry, R. (2013). Phylogenetic relationships of flesh flies in the subfamily Sarcophaginae based on three mtDNA fragments (Diptera: Sarcophagidae). *Systematic Entomology*, 38(1), 35-44.
- Stoeckle, M. (2003). Taxonomy, DNA, and the bar code of life. *AIBS Bulletin*, 53(9), 796-797.
- Stone, A., Sabrosky, C., Wirth, W., Foote, R. y Coulson, J. (1965). A catalog of the Diptera of America North of Mexico. *U. S. Dept. Agric., Agric. Res. Serv., Agric. Handb.*, 276.

- Sukchit, M., Deowanish, S., Butcher, B., Areekul, B., y Quicke, D. (2015). Decomposition stages and carrion insect succession on dressed hanging pig carcasses in Nan Province, northern Thailand. *Tropical Natural History*, 15(2), 137-153.
- Swindle, M., Makin, A., Herron, A., Clubb Jr, F. y Frazier, K. (2012). Swine as models in biomedical research and toxicology testing. *Veterinary pathology*, 49(2), 344-356.
- Szpila, K., Matuszewski, S., Bajerlein, D. y Konwerski, S. (2008). Blowflies (Diptera: Calliphoridae) visiting pig carcasses in selected forests of Central Europe—preliminary report. *In Proceedings of the 6th meeting EAFE, Kolymbari, Crete* (Vol. 83).
- Tabor, K. L., Fell, R. D. y Brewster, C. C. (2005). Insect fauna visiting carrion in Southwest Virginia. *Forensic Science International*, 150(1), 73-80.
- Talavera, G., Dincă, V. y Vila, R. (2013). Factors affecting species delimitations with the GMYC model: insights from a butterfly survey. *Methods in Ecology and Evolution*, 4(12), 1101-1110.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. y Kumar, S. (2011). MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular biology and evolution*, 28(10), 2731-2739.
- Tan, S., Rizman-Idid, M., Mohd-Aris, E., Kurahashi, H. y Mohamed, Z. (2010). DNA-based characterisation and classification of forensically important flesh flies (Diptera: Sarcophagidae) in Malaysia. *Forensic Science International*, 199(1), 43-49.
- Vairo, K., Mello-Patiu, C. y de Carvalho, C. (2011). Pictorial identification key for species of Sarcophagidae (Diptera) of potential forensic importance in southern Brazil. *Revista Brasileira de Entomologia*, 55(3), 333-347.
- Vanegas, S. Z. Y. (2006). Entomología forense: los insectos en la escena del crimen. *Revista Luna Azul*. Universidad de Caldas Manizales, Colombia, (23), 42-49.
- Valdés-Perezgasga., Sánchez R., Rodríguez, H. y Anderson. (2009). Artrópodos de importancia forense sobre carroña de cerdo en el semidesierto de Coahuila, México. *Entomología Mexicana* 7: 692-697.
- Vázquez, S., Stephano V., Marín, H., Quiroz, M., Rodríguez C, Flores, M. y Díaz, T. (2007). Dípteros necrófagos del estado de Nuevo León, México. *Entomología Mexicana* 6(2): 885-888.
- Vergara-Pineda, S., De Leon-Muzquiz, H., García-Martínez, O., Cantú-Sifuentes, M., Muhammad, B. y Tomberlin, K. (2009). Comportamiento de arribo de moscas necrófagas (Diptera: Calliphoridae) a un cadáver humano. *Entomología mexicana*, 8, 792-797.
- Villamil, R., Galindo, M. y Navarrete, H. (2007). Caracterización de la coleopteroфаuna asociada a cadáveres de *Mus musculus* L. en la reserva ecológica del pedregal de San Ángel, México. *Entomología Mexicana* 6(2): 860-865.
- Wallman, J. y Donnellan, S. (2001). The utility of mitochondrial DNA sequences for the identification of forensically important blowflies (Diptera: Calliphoridae) in southeastern Australia. *Forensic Science International*, 120(1), 60-67.

- Wares, J. y Cunningham, C. (2001). Phylogeography and historical ecology of the North Atlantic intertidal. *Evolution*, 55(12), 2455-2469.
- Wells, J. y Greenberg, B. (1992). Interaction between *Chrysomya rufifacies* and *Cochliomyia macellaria* (Diptera: Calliphoridae): the possible consequences of an invasion. *Bulletin of Entomological Research*, 82(01), 133-137.
- Wells, J. y Sperling, F. (2001). DNA-based identification of forensically important Chrysomyinae (Diptera: Calliphoridae). *Forensic Science International*, 120(1), 110-115.
- Wheeler, Q. (2004). Taxonomic triage and the poverty of phylogeny. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 359(1444), 571-583.
- Whitworth, T. (2006). Keys to the genera and species of blow flies (Diptera: Calliphoridae) of America north of Mexico. *Proceedings-Entomological Society of Washington*, 108(3), 689-725.
- Whitworth, T., Dawson, R., Magalon, H. y Baudry, E. (2007). DNA barcoding cannot reliably identify species of the blowfly genus *Protocalliphora* (Diptera: Calliphoridae). *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 274(1619), 1731-1739.
- Whitworth, T. (2010). Keys to the genera and species of blow flies (Diptera: Calliphoridae) of the West Indies and description of a new species of *Lucilia* Robineau-Desvoidy. *Zootaxa*, 2663, 1-35.
- Whitworth, T. y K. Rognes. (2014). *Musca purpurascens* Walker, 1836 (Insecta, Diptera, Calliphoridae): proposed conservation of prevailing usage of name by setting aside the unidentifiable female holotype and replacing it with a male neotype. *Bulletin of Zoological Nomenclature*, 71: 166-169.8
- Whitworth, T. (2014). A revision of the Neotropical species of *Lucilia* Robineau-Desvoidy (Diptera: Calliphoridae). *Zootaxa*, 3810(1), 1-76.
- Wiens, J. (1999). Polymorphism in systematics and comparative biology. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 30(1), 327-362.
- Wiens, J. y Penkrot, T. (2002). Delimiting species using DNA and morphological variation and discordant species limits in spiny lizards (*Sceloporus*). *Systematic biology*, 51(1), 69-91.
- Wiens, J. (2007). Species delimitation: new approaches for discovering diversity. *Systematic Biology*, 56(6), 875-878.
- Will, K. y Rubinoff, D. (2004). Myth of the molecule: DNA barcodes for species cannot replace morphology for identification and classification. *Cladistics*, 20(1), 47-55.
- Will, K., Mishler, B. y Wheeler, Q. (2005). The perils of DNA barcoding and the need for integrative taxonomy. *Systematic biology*, 54(5), 844-851.
- Winkler, I., Blaschke, J., Davis, D., Stireman, J., O'Hara, J., Cerretti, P. y Moulton, J. (2015). Explosive radiation or uninformative genes? Origin and early diversification of tachinid flies (Diptera: Tachinidae). *Molecular phylogenetics and evolution*, 88, 38-54.

- Wirth, W. y Papavero, N. (1974). A Catalogue of the Diptera of the Americas South of the United States. *A Catalogue of the Diptera of the Americas South of the United States*.
- Wolff, M., Uribe, A., Ortiz, A. y Duque, P. (2001). A preliminary study of forensic entomology in Medellín, Colombia. *Forensic Science International*, 120(1), 53-59.
- Wulp, F. van der. (1888-1903). Insecta. Diptera. In: Godman, FD y Salvin, O. *Biologia Centrali Americana, or, contributions to the knowledge of the fauna and flora of Mexico and Central America. Zoologia. Class Insecta. Order Diptera. London, Taylor y Francis, 2*.
- Zajac, B., Sontigun, N., Wannasan, A., Verhoff, M., Sukontason, K., Amendt, J. y Zehner, R. (2016). Application of DNA barcoding for identifying forensically relevant Diptera from northern Thailand. *Parasitology research*, 115(6), 2307-2320.
- Zepeda-Cavazos, I., Flores-Hernandez, G., Iruegas-Bientello, F., Tijerina-Medina, G., Caballero-Quintero, A. y Quiroz-Martínez, H. (2015). Diversidad de insectos en necrotrampas expuestas a dos condiciones en el Ojase, Salinas Victoria, Nuevo León, México. *Entomología Mexicana* Vol. 2: 648-654.
- Zhang, D. y Hewitt, G. (1997). Insect mitochondrial control region: a review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 25(2), 99-120.
- Zhang, L., Deng Y., Liu, X., Guo, H., Zhang, G. y Liu, Y. (2015). Redescription and taxonomic status of *Liopygia nodosa* (Engel, 1925). *Journal of Medical Entomology*, (002), 104-109.

ANEXO

CATÁLOGO DE SECUENCIAS DEL GEN COXI DE ESPECIES DE DÍPTEROS NECRÓFILOS DE LA REPSA, CIUDAD DE MÉXICO

- 11.1.1 Familia Anthomyiidae
- 11.1.2 Familia Calliphoridae
- 11.1.3 Familia Choropidae
- 11.1.4 Familia Drosophilidae
- 11.1.5 Familia Ephydriidae
- 11.1.6 Familia Fanniidae
- 11.1.7 Familia Muscidae
- 11.1.8 Familia Phoridae
- 11.1.9 Familia Sarcophagidae

11

11. ANEXO

11.1 CATÁLOGO DE SECUENCIAS DEL GEN COXI DE ESPECIES DE DÍPTEROS NECRÓFILOS DE LA REPSA, CIUDAD DE MÉXICO

11.1.1 Familia Anthomyiidae

- Secuencias de organismos correspondientes a la especie *Anthomyia pluvialis* KR677672.1

CPL280_LCO

TTTTGGAGCTTGAGCAGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCAGAATTAGGGCATCCCGG
TGCTTTAATTGGAAATGACCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATGCCTATTATAAATTGGGGGGTTTGGAAATTGATTAGTTCCTACTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAATATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAACTTTATTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAACGGGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCTCATGGAGGGGCTT
CGGTTGATTTAGCTATTTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTAC
AACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGTAAT
TACTGCATTATTATTGTTACTTTCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATACTATTAACAGACCGAAAT
TTAAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGAGGAGACCCAATTTTATATCAACATTTAT

CPL345_LCO

TTTTGGAGCTTGAGCAGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCAGAATTAGGGCATCCCGG
TGCTTTAATTGGAAATGACCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATGCCTATTATAAATTGGGGGGTTTGGAAATTGATTAGTTCCTACTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAATATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAACTTTATTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAACGGGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCTCATGGAGGGGCTT
CGGTTGATTTAGCTATTTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTAC
AACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGTAAT
TACTGCATTATTATTGTTACTTTCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATACTATTAACAGACCGAAAT
TTAAATACATCATTTTTTGACCCCGCAGGAGGAGGAGACCCAATTTTATATCAACATTTAT

CPL285_LCO

CCTTGGAGCTTGAGCGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGT
GCTTTAATTGGAAATGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAG
TAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTACTTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTT
CCCACGAATAAATAACATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTA
GAAGATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCACTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTTCT
GTTGATTTAGCTATTTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAA
CTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTTGTTGATCAGTAGTAATCA
CTGCATTCTATATTACTTTCTTACCAGTTTTAGCTGGTACTATACAAATTACTAACAGATCGAAATCTA
AATACATCTTTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCCAATTTCTTTATCAACATTTAT

CPL348_LCO

CCTTGGAGCTTGAGCCGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGG
TGCTTTAATTGGAAATGACCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTACTTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAACATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCACTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTT
CTGTTGATTTAGCTATTTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACA
ACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTTGTTGATCAGTAGTAATC
ACTGCATTCTATTACTTTCTTACCAGTTCTAGCTGGTACTATTACAATACTAACAAGATCGAAATC
TAAATACATCTTTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCCAATTTCTTTATCAACATTTAT

CPL350_LCO

CTTTGGAGCTTGAGCCGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGG
TGCTTTAATTGGAAATGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCACCTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAACATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCCTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTT
CTGTTGATTTAGCTATTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACA
ACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATC
ACTGCCTTCTATTATTACTTTCCCTACCAGTTCTAGCTGGTGCTATTACAATACTACTAACAGATCGAAATC
TAAATACATCTTTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCTTTATCAACATTTAT

CPL288_LCO

CTTTGGAGCTTGAGCCGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGG
TGCTTTAATTGGAAATGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCACCTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAACATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCCTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTT
CTGTTGATTTAGCTATTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACA
ACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATC
ACTGCCTTCTATTATTACTTTCCCTACCAGTTCTAGCTGGTGCTATTACAATACTACTAACAGATCGAAATC
TAAATACATCTTTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCTAATTCTTTTTCAACAANNAG

CPL342_LCO

CTTTGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGG
TGCTTTAATTGGAAATGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCACCTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAACATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCCTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTT
CTGTTGATTTAGCTATTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACA
ACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATC
ACTGCCTTCTATTATTACTTTCCCTACCAGTTCTAGCTGGTGCTATTACAATACTACTAACAGATCGAAATC
TAAATACATCTTTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCTTTATCAACATTTAT

CPL351_LCO

CTTTGGAGCTTGAGCCGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGG
TGCTTTAATTGGAAATGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCACCTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAACATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAGATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCCTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTT
CTGTTGATTTAGCTATTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACA
ACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATC
ACTGCCTTCTATTATTACTTTCCCTACCAGTTCTAGCTGGTGCTATTACAATACTACTAACAGATCGAAATC
TAAATACATCTTTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCTTTATCAACATATAT

CPL354_LCO

CTTTGGAGCTTGAGCCGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGG
TGCTTTAATTGGAAATGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCACCTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCCACGAATAAATAACATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCCTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTT
CTGTTGATTTAGCTATTTTTCTGCTTCATTTAGCAGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTAC
AAGTGAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTAAT
CACTGCCTTCTATTATTACTTTCCCTACCAGTTCTAGCTGGTGCTATTACAATACTACTAACAGATCGAAAT
CTAAATACATCTTTCTTTGACCCTGCAGGAGGGGAGACCCAATTCTTTATCAACATATAT

CPL211_LCO

TTTTGGAGCTTGAGCAGGAATAGTAGGAACTTCTTTAAGTATCCTAATTCGAGCAGAATTAGGGCATCCCGG
TGCTTTAATTGGAAATGACCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTATA
GTAATGCCTATTATAATTGGGGGTTTGGAAATTGATTAGTTCCACTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCT
TTCCACGAATAAATAATATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAACTTTATTATTAGTAAGTAGTATAG
TAGAAAACGGGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCTCATGGAGGGGCTT
CGGTTGATTTAGCTATTTTTCTCTTCATTAGCAGGAATTCATCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTAC
AACTGTAATTAATATACGAGCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGTAAT
TACTGCATTATTATTACTTTCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATACTATAAACAGACCGAAAT
TTAAATACATCATTTTTTGACCCAGCAGAAGGAGACGACCTAATTTTATATCCAGCATATC

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Emmesomyia grisea* KP412985.1**

CPL117_LCO

TTTTGGTGCTTGATCTGGAATAGTAGGTACTTCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCCGAACTAGGTCATCCTGGA
GCTTTAATTGGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTATAG
TAATACCTATTATAATTGGTGGATTTGGAAATGATTAGTTCCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATT
TCCACGNATAAATAANATAAGTTTGTGATTACTACCCCCAGCTTTGACTTTTATTATTGGTAAGTAGTATAGTG
GAAAATGGAGCTGGAACAGGTTGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCA
GTTGATTTAGCAATTTTTCTCTTCACTTGCTGGAATTCATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTAC
GGTAATTAATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACA
GCTTTATTATTACTTTCACTCCCTGTTTTAGCTGGTGCAATTACTATACTATTAACAGACCGAAATTTAA
ATACTTCATTTTTTGACCCAGCAGGAGGAGACCCTTATTTCCACCAACATTAT

11.1.2 Familia Calliphoridae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Cochliomyia macellaria* KT272853.1

CPL565_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT
TACTTTTATTATCTTTACCAGTTTTAGCCGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL599_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT
TACTTTTATTATCTTTACCAGTTTTAGCCGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL652_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT
TACTTTTATTATCTTTACCAGTTTTAGCCGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL937_LCO

NNNNNNNNNNNNNNNGAACTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
TGGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATGCCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
GAGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATC
TAGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
TAATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCT
TTTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTTAGCCGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
CATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL938_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATACCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT

TTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTACCGGAGCTATTACTATACTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL940_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAAT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAAGTGTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTTCATCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT
TTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTACCGGAGCTATTACTATACTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL941_LCO

NNNNNNNNNNNNNNNGAACTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAAGTGTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATC
TAGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTTCATCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCAACAGGAATCACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCT
TTTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTACCGGAGCTATTACTATACTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
CATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL942_LCO

NNNNNNNNNNNNNNNGAACTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAAGTGTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATC
TAGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTTCATCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCT
TTTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTACCGGAGCTATTACTATACTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
CATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL29_LCO

TGATCTGGANTAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAAT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAAGTGTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTTCATCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT
TTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTACCGGAGCTATTACTATACTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
CATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL943_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCCCTAAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAAT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAAGTGTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCATTTAGCCGGAATTTTCATCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT
TTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTACCGGAGCTATTACTATACTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

CPL939_LCO

NNNNNNNNNTTTAAGGATTTTCATTTTGGGTTCTATTTTCGGGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCAGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTTTCATTTAGCCGGAATTTTCATCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACAGGAATTACATTTCGATCGAATGCCTTTATTTCGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTT
TTACTTTTATTATCTTTACCAGTTTTAGCCGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCCGGAGGAGGAGATCCAATTTTATACCAACACTTATTTTGATTTT

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Chrysomya megacephala* KT894991.1**

CPL645_LCO

TGATCCGGAATAGTAGGAACCTTCATTAAGTATTTAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGAGCATTAATT
GGAGACGACCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTTCCTTTAATGTTAGGAGCTCCAGATATAGCTTTCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTCTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCACCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTCTCTTTACACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCCGAAATCTAAATACTT
CATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTT

CPL964_LCO

TGATCCGGAATAGTAGGAACCTTCATTAAGTATTTAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGAGCATTAATT
GGAGACGACCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATGCCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTTCCTTTAATGTTAGGAGCTCCAGATATAGCTTTCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTCTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCACCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTCTCTTTACACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCCGAAATCTAAATACTT
CATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTT

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Chrysomya rufifacies* JX913741.1**

CPL694_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAATTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTTACTATATTATTAAGTACCCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL732_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAATTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT

TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL951_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCCTGCACTAATTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAAGTGTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL958_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCCTGCACTAATTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAAGTGTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL959_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCCTGCACTAATTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAAGTGTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL962_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCCTGCACTAATTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAAGTGTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL989_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCCTGCACTAATTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAAGTGTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC

TTTTATTATTACATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL990_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTACATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL991_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTACATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL992_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTACATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL993_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTACATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL952_LCO

TGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTACATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL953_LCO

GCTCAAGGAGTAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL955_LCO

TTGCTCTGGAAATTAGGAACCTCTTTATGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL956_LCO

GCCCAAGGAGTTTAAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL960_LCO

GTTACGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL961_LCO

GTGCCCTGGAGTTTAAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTT

CPL984_LCO

CACCTATAATAGTTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACAGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTN

CPL997_LCO

TTCACCTGGAGTTTAAGAACTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACAGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTN

CPL1001_LCO

TGCTCTGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACAGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTN

CPL100_LCO

CTCTTTAAGTATTAAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACAGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTN

CPL1003_LCO

GCTCTAGGAATAGTAGGAACCTTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACAGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCACTAACTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGGAGACCCTATTTTATATCAACACTTATTTTGATTTN

CPL43_LCO

TTGATCTGGATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATCCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCCTCTAATACTAGGAGCCCCAGATATGGCTTTCCACGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCCCTGCATTAACCTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCTAATATTGCACATGGTGGAGCATCAGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACACTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGGGCCGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTATGATCTGTAGTTATTACTGCTCTTC
TTTTATTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGTGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAANTACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGGGAGACCCTATTATATNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Comptosyiops callipes* AF295549.1**

CPL670_LCO

TGATCAGGAATAGTAGGGACTTCATTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACACCCTGGAGCATTAAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCCTAATCTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAAC
GGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCAGTTGAT
CTAGCTATTTTTCTTTACATTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTA
TTAATATACGATCTACAGGAATTACATTCGATCGAATACCTCTATTGTTTATGATCAGTAGTAATTACTGCTTT
ATTATTATTATTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAATAACT
TCATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTT

CPL739_LCO

TGATCAGGAATAGTAGGGACTTCATTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACACCCTGGAGCATTAAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCCTAATCTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAAC
GGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCAGTTGAT
CTAGCTATTTTTCTTTACATTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTA
TTAATATACGATCTACAGGAATTACATTCGATCGAATACCTCTATTGTTTATGATCGGTAGTAATTACTGCTTT
ATTATTATTATTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAATAACT
TCATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTT

CPL786_LCO

TGATCAGGAATAGTAGGGACTTCATTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACACCCTGGAGCATTAAAT
TGGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCACGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATGTTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCCTAATCTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAAC
GGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCAGTTGAT
CTAGCTATTTTTCTTTACATTTAGCTGGAATTTTCATCAATTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTA
TTAATATACGATCTACAGGAATTACATTCGATCGAATACCTCTATTGTTTATGATCAGTAGTAATTACTGCTTT
ATTATTATTATTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAATAACT
TCATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTT

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Calliphora vomitoria* FR719157.1**

CPL646_LCO

TGATCAGGAATAATTGGAACCTTCATTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTAGGACATCCTGGAGCATTAAAT
GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAA
TTATAATTGGAGGTTTGGTAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTCTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTTCCGTTGATT
TAGCTATTTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTAGGAGCTGTAATTTTATTACTACAGTTATT

AATATGCGATCAACAGGAATTACTTTTCGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCTTTA
 TTACTTTTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAATACTT
 CATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGACCCAATCTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL735_LCO

TGATCAGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
 GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAA
 TTATAAATTGGAGGTTTGGTAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCTCGAA
 TAAATAATATAAGTTTCTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
 GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCACCTTTATCTTCTAATATCGCTCATGGAGGAGCTTCCGTTGATT
 TAGCTATTTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACAGTTATT
 AATATGCGATCAACAGGAATTACTTTTCGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCTTTA
 TTACTTTTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAATACTT
 CATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGACCCAATCTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Calliphora latifrons* AF295557.1**

CPL640_LCO

TGATCAGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTAGGACACCCTGGAGCATTAAATT
 GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAA
 TTATAAATTGGAGGATTTGGTAATTGATTAGTTCCTTTAATGCTAGGAGCTCCAGATATAGCCTTCCCTCGAA
 AAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
 AGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCCTTATCTTCTAATATTGCCCATGGAGGAGCTTCTGTTGATTT
 AGCAATTTTTCTTTACATTTAGCCGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACAGTTATT
 AATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCTCTTTTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTTAT
 TACTTTTTATTATCTTTACCAGTATTAGCCGGTGCTATTACTATACTATTAACAGATCGAAATCTTAATACCTC
 ATTTTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCCTATTCTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL980_LCO

TGATCAGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTAGGACACCCTGGAGCATTAAATT
 GGAGATGACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCCCATGCCTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAA
 TTATAAATTGGAGGATTTGGTAATTGATTAGTTCCTTTAATGCTAGGAGCTCCAGATATAGCCTTCCCTCGAA
 AAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACGG
 AGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCCTTATCTTCTAATATCGCCCATGGAGGAGCTTCTGTTGATTT
 AGCAATTTTTCTTTACATTTAGCCGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACAGTTATT
 AATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCTCTTTTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTTAT
 TACTTTTTATTATCTTTACCAGTATTAGCCGGTGCTATTACTATACTATTAACAGATCGAAATCTTAATACCTC
 ATTTTTTGACCCTGCAGGAGGAGGAGACCCTATTCTATACCAACATTTATTTTGATTTT

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Calliphora quadrimaculata* FR719155.1**

CPL643_LCO

TGATCAGGTATAATCGGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
 GGAGACGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCACATGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCAA
 CTATAAATTGGAGGATTCGGAATTTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCCCCAGATATAGCCTTCCCTCGAA
 TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACATTATTATTAGTAAGTAGTATAGTGGAAAATG
 GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCCCACTTTCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCCTCTGTTGATT
 TAGCTATTTTTCTTCTTATTAGCAGGAATTTCTCAATTTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
 AATATACGATCTACAGGAGTTACTTTTGACCGAATACCTTTATTTGCTGATCAGTAGTAATCACTGCTCTTC
 TTCTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCAGGAGCTATTACAATACTATTAACAGATCGAAATCTTAATACTTC
 ATTTTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCTATTTTATACCAACATCTTTTTTGATTTT

CPL998_LCO

TGATCAGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
GGAGACGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCACATGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCAA
CTATAAATTGGAGGATTCGAAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGAGCCCCAGATATAGCCTTTCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACATTATTATTAGTAAGTAGTATAGTGGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCCCACTTTCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCCTCTGTTGATT
TAGCTATTTTTTCTCTCATTAGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAGTTACTTTTGACCGAATACCTTTATTGTCTGATCAGTAGTAATTACTGCTCTTC
TTCTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCAGGAGCTATTACAATACTATTAACAGATCGAAATCTTAATACTTC
ATTTTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCTATTTTATACCAACATCTTTTTTGATTTT

CPL999_LCO

TGATCAGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCACATGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCAA
CTATAAATTGGAGGATTCGAAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGAGCCCCAGATATAGCCTTTCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACATTATTATTAGTAAGTAGTATAGTGGAAAATG
GAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCCCACTTTCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCCTCTGTTGATT
TAGCTATTTTTTCTCTCATTAGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTTATT
AATATACGATCTACAGGAGTTACTTTTGACCGAATACCTTTATTGTCTGATCAGTAGTAATTACTGCTCTTC
TTCTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCAGGAGCTATTACAATACTATTAACAGATCGAAATCTTAATACTTC
ATTTTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCTATTTTATACCAACATCTTTTTTGATTTT

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Lucilia sericata* KT272854.1

CPL353_LCO

NGATCCGGAATAATTGGAACCTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCTTTAATT
GGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATGCCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCATTAATACTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAACGG
AGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCTCCTCTACTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTTGATTT
AGCTATTTTTCTCTCTTCAATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACAGTTATTA
ATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCTTTATT
ACTTTTATTATCATTACCAGTATTAGCAGGAGCTATTACAATACTTTTAAACAGACCGAAATCTTAATACATC
ATTCTTTGACCCTGCAGGAGGAGGTGATCCAATTTTATACCAACATTTATATTGATTTN

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Phormia regina* KX853042.1

CPL741_LCO

NNNNNNNNNTAATAGGAACTTCATTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCA
ATTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATC
TAGCTATTTTTCTCTCTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TTACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTAACTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL945_LCO

NNNNNGGAATAATTGGAACCTTCATTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCA
ATTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATC
TAGCTATTTTTCTCTCTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT

TAATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TTACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL946_LCO

NNNNNNGGAATAATAGGAACTTCATTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAAAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATC
TAGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TTACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL947_LCO

NNNNNCGGATATTTAGGAACTTCATTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAAT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL948_LCO

NNNNNNGGAATAATTGGAACCTTCATTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAAAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATC
TAGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TTACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL950_LCO

NNNNNNGGAGTTTAAGGAACTTCATTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAAT
TGGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCA
ATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGA
ATAAAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATC
TAGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAAT
TAATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTA
TTACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL963_LCO

NGNTCTGGAATAATAGGAACTTCATTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAAT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCA
TTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT

AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL3_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL5_LCO (2)

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL6_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCANNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL7_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL10_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT

AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL11_LCO

TGATCTGGAATAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACACTTATTCTGATTTT

CPL13_LCO

TGATCTGGAATAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTCATTCTGATTTT

CPL17_LCO

TGATCTGGAATAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATTTTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
TTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL19_LCO

TGATCTGGAATAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL22_LCO

TGATCTGGAATAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTCATTACAACCTGTAATT

AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGACTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATTTTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACNNNNNNNNNNNNNN

CPL24_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTT

CPL25_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTCATTCTGATTTT

CPL27_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGCAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATNCTGATTTT

CPL30_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTATTACTATTTTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
TTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACATTNATNCTGATTTT

CPL32_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAA
TAAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTAGTTACTGCTCTAT

TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTNATNCTGATTTTT

CPL35_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGATCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL39_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATNCTGATTTTT

CPL47_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL20_LCO

AGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATTTTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTCA
TTCTTTGACCCAGCNGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTNATNCTGATTTTA

CPL44_LCO

AGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT

TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTNATNCTGATTTTT

CPL45_LCO

AGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL28_LCO

AGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACCATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATTTTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTCA
TTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL51_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL52_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL54_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAGTAAAT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT

TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL60_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTACCTGATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL61_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL63_LCO

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTACCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

CPL98_LCO (2)

TGATCTGGAATAAATTGGAACCTCATTAAAGAATTCTAATTCGAGCTGAACTAGGGCACCCCTGGAGCTCTAATT
GGAGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACCAA
TTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTCCCACGAAT
AAACAATATAAGTTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCTCTATTGTTAGTTAGTAGTATAGTAGAAAATGG
GGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCATCTGTTGATCT
AGCTATTTTCTCTCTTCACCTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATT
AATATACGATCAACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGGATCTGTAGTTATTACTGCTCTAT
TACTTTTATTATCTTTGCCTGTATTAGCCGGTGCTACTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAAACACTTC
ATTCTTTGACCCAGCAGGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCACACTTATTCTGATTTTT

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Lucilia pulverulenta* KX283447.1

CPL26_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACCTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCGGACATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATAAAAAGTTTTGACTCCTCCCTCCCGCACTAATTTATTATTAGTAAGTAGTAAAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCAAGGAGGAGCTTCTGTGATT

TAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCGGGAAATTTTATTACTACNGTTAT
TAATATAACCATCAACACGAATNACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTGATCCGTAGCANTTACGGNNNN
NN
NN

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Lucilia* sp. KT117085.1**

CPL18_LCO

NGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTACTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTGAATTTAATACTACNGTTAT
TAATATAACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCNATNATTTGTTGATCNGTAGTATTNACGGNNNN
NN
NN

CPL38_LCO

NGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACNGTTAT
TAATATAACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGANTGCNATNATTTGTTGATCCGTAGTATTNACGGNNNN
NN
NN

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Lucilia coeruleiviridis* KT272780.1**

CPL 724_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATAACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCATTATTTGTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCCAATTTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL729_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATAACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCATTATTTGTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCCAATTTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL979_LCO

NNNNNNGGTATAATAGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAAT
TGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCA
ATTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGA
ATAAATAATATAAGTTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAAC
GGAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGAT
TTAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTA
TTAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTT
ATTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACT
TCATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCCAATTTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL983_LCO

NNNNNNGGTATAATAGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAAT
TGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCA
ATTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGA
ATAAATAATATAAGTTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAAC
GGAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGAT
TTAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTA
TTAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTT
ATTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACT
TCATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCCAATTTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL987_LCO

NNNNNNGGTATATTAGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAAT
TGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCA
ATTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGA
ATAAATAATATAAGTTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAAC
GGAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGAT
TTAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTA
TTAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTT
ATTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACT
TCATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCCAATTTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL15_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCCAATTTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL21_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCCAATTTTATACCAACATTTATTTTGATTTT

CPL23_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTTACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCCGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACCAACATTTATCTTGATTTT

CPL31_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTTACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACCAACATTTATTTGATTTT

CPL34_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTTACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACCAACATTTATTTGATTTT

CPL53_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTTACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACCAACATTTATTTGATTTT

CPL50_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTTACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACACATTTATTGATTTTTTGT

CPL36_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACACATTTATTGATTTTTGCA

CPL40_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATNGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACACATTTATTGATTTTTGTC

CPL2_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACGATGCTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACACATTTACTTGATTTTTGT

CPL56_LCO

TGATCTGGTATAATCGGAACTTCTTTAAGAATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGAGCACTAATT
GGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATACCAA
TTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCTCGAA
TAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAAAACG
GAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATT
TAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGTTAT
TAATATACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATGCCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAGCTTTA
TTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCCGGAGCTATTACGATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAATACTT
CATTCTTTGACCCTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACACATGTATATAGATTTTTT

CPL988_LCO

NN
AATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTCTTTATAGTAATA
CCAATTATAATCGGAGGGTTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCCCCAGATATGGCATTCCCT
CGAATAAATAATATAAGTTTTGACTCCTCCCTCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTAGAA
AACGGAGCTGGAACAGGATGAACAGTTTACCCCCCTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGT
GATTTAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCCGGGATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAG
TTATTAATATAACGATCAACAGGAATTACTTTTGACCGAATACCATTATTTGTTTGATCCGTAGTAATTACAG
TTTTATTACTTTTACTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAACCTTAAT
ACTTCATTCTTTGAGCGTGCCGGAGGGGGAGACCAATTTTATACCAACATTTATTTTTGATGT

11.1.3 Familia Chloropidae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Liohippelates bishopi* KR669761.1

CPL274_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGGGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL262_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL270_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACCGCTCATGCATTGTAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGGGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTGTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL267_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACCGCTCATGCATTGTAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGGGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL269_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT

ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL277_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL248_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATAAATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL292_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL281_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGAACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAAATGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAAATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

CPL161_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGGA
GCATTAAATGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTGTAAATAATTTCTTTATAG
TAATACCTATAAATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCAT
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAGT
AGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTTC
AGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTACATTTAGCTGGAGTTTCTTCAATTTTAGGGGCCGTAATTTTATTACTA
CTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATTA

CTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATATTAAGTACCAGAAATTTA
AATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGAGAGANN

CPL185_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGGA
GCATTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTTGTAATAATTTCTTTATAG
TANTACCTATAATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCAT
TTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAGT
AGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTTC
AGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACTA
CTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATTA
CTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATATTAAGTACCAGAAATTTA
AATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGAGAGANN

CPL209_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTGGGACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGGA
GCATTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTTGTAATAATTTCTTTATAG
TAATACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCAT
TTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAGT
AGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTTC
AGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTCAATTTTAGGGGCCGTAATTTTATTACTA
CTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATTA
CTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATATTAAGTACCAGAAATTTA
AATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGAGAGANN

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Chloropidae* sp. KM627590.1

CPL261_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTAGGAACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTTGTAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCTCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCCCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Olcella* sp. KR069135.1

CPL265_LCO

TTCGGAGCATGAGCTGGAATAGTAGGAACATCATTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGG
AGCATTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCATGCATTTGTAATAATTTCTTTATA
GTAATACCTATTATAATTGGAGGATTGGAAATTGATTAGTTCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTACTACCACCATCATTAAACATTATTAATGGCTAGTAGTATAG
TAGAAAATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTATCCTCCTCTATCTTCAATTATTGCCCATGGAGGAGCTT
CAGTTGATTTAGCTATTTTTTCTTACATTTAGCTGGAGTTTCTCAATTTTAGGAGCCGTAATTTTATTACT
ACTGTAATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTGTGATCAGTAGTAATT
ACTGCATTATTATTATTATTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATATTAAGTACCAGAAATT
TAAATACTTCATTCTTTGACCCAGCTGGAGGAGGAGATC

11.1.4 Familia Drosophilidae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Leucophenga saigusai* JX887678 .1

CPL284_LCO

GGAATAGTAGGAACTTCTTTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GACCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCCCATGCTTTTGTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGATTACTACCCCGAGCTCTAACTCTTTTATTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAACGGAGCTGG
GACAGGATGAACGGTTTATCCACCTTTATCTTCAGGAATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATCTAGCAAT
TTTTTCCCTTCATTTAGCTGGAATTCATCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTATTACAACAGTCATTAATATA
CGATCAACTGGAATTACTCTTGACCGTATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAGCTTTATTATTAC
TTTTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTT
GACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCCTTTACCAACATTTA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Leucophenga* sp. JX887678 .1

CPL271_LCO

GGAATAGTAGGAACTTCTTTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GACCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCCCATGCTTTTGTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAT
CGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGATTACTACCCCGAGCTCTAACTCTTTTATTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAACGGAGCTGG
GACAGGATGAACGGTTTATCCACCTTTATCTTCAGGAATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATCTAGCAAT
TTTTTCCCTTCATTTAGCTGGAATTCATCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTATTACAACAGTCATTAATATA
CGATCAACTGGAATTACTCTTGACCGTATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAGCTTTATTATTAC
TTTTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACAATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTT
CGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCCTTTACCAACATTTA

CPL282_LCO

GGAATAGTAGGAACTTCTTTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GACCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCCCATGCTTTTGTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGATTACTACCCCGAGCTCTAACTCTTTTATTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAACGGAGCTGG
GACAGGATGAACGGTTTATCCACCTTTATCTTCAGGAATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATCTAGCAAT
TTTTTCCCTTCATTTAGCTGGAATTCATCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTATTACAACAGTCATTAATATA
CGATCAACTGGAATTACTCTTGACCGTATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAGCTTTATTATTAC
TTTTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACAATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTT
CGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCCTTTACCAACATTTA

CPL276_LCO

GGAATAGTAGGAACTTCTTTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GACCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCCCATGCTTTTGTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGATTACTACCCCGAGCTCTAACTCTTTTATTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAACGGAGCTGG
GACAGGATGAACGGTTTATCCACCTTTATCTTCAGGAATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATCTAGCAAT
TTTTTCCCTTCATTTAGCTGGAATTCATCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTATTACAACAGTCATTAATATA
CGATCAACTGGAATTACTCTTGACCGTATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAGCTTTATTATTAC
TTTTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACAATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTT
TGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCCTTTACCAACATTTA

CPL268_LCO

GGAATAGTAGGAACTTCTTTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GACCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCCCATGCTTTTGTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCGAATAAATAA
TATAAGTTTTTGATTACTACCCCACTCTAACTCTTTTATTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAACGGAGCTGG
GACAGGATGAACGGTTTATCCACCTTTATCTTCAGGAATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATCTAGCAAT
TTTTTCCCTTCATTTAGCTGGAATTCATCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTATTACAACAGTCATTAATATA
CGATCAACTGGAATTACTCTTGACCGTATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAGCTTTATTATTAC
TTTTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACAATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTT
CGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCCTTTACCAACATTTA

CPL273_LCO

GGAATAGTAGGAACTTCTTTGAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GACCAAATTTATAATGTAATTGTTACTGCCCATGCTTTTGTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCGAATAAATAA
TATAAGTTTTTGATTACTACCCCACTCTAACTCTTTTATTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAACGGAGCTGG
GACAGGATGAACGGTTTATCCACCTTTATCTTCAGGAATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATCTAGCAAT
TTTTTCCCTTCATTTAGCTGGAATTCATCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTATTACAACAGTCATTAATATA
CGATCAACTGGAATTACTCTTGACCGTATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAGCTTTATTATTAC
TTTTATCTTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACAATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTT
CGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCAATTCCTTTACCAACATTTA

CPL71_LCO

GGAATAGTAGGAACTTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCAGAATTAGGTCACCCTGGTGCTTTAATTGGAGAT
GACCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCACATGCTTTTGTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGAGTTTTGGTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGATTTTGATTACTTCCACCAGCTTTAACTCTTTTATTAGTGAGCAGTATAGTTGAAAACGGAGCCGG
AACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCATCAGGGATTGCTCACGGAGGAGCATCAGTTGATTTAGCTAT
TTTTTCATTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATA
CGATCAACAGGAATCACTCTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCTTTATTACTAC
TTTTATCTCTCCTGTTTTAGCTGGAGCTATCACTATATTATTAACAGACCGAAATTTAAATACTTCATTTTT
GACCCAGCCGAGGAGGAGACCCAATTCCTTTACCAACATTTA

11.1.5 Familia Ephydriidae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Discocerina* sp. KJ208872.1

CPL132_LCO

TTTGGGGCGTGATCAGGAATAGTAGGAACATCATTAAAGAATCTTAATTCGAGCTGAATTAGGCCATCCCGG
AGCACTAATTGGAGACGATCAGATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCACGCATTTGTTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAATTGGAGGATTTGGAAACTGATTAGTCCCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTTTGATTATTACCCCGGCTCTTCCCTTTTATTAGTAAGTAGTATAG
TGGAAAACGGAGCTGGGACCGGATGAACGGTTTACCCTCCTCTATCTAGAGTAATTGCTCATGGAGGAGCT
TCCGTTGATTTAGCTATTTTTTCATTACATTTAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGTGCTGTAAATTTTATTAC
AACAGTAATTAATATACGATCTACAGGTACTTTTGATCGAATACCTTTATTGTGTGATCAGTTGTAATT
ACTGCACTATTATTACTTTCTTTACCAGTATTAGCCGGAGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATT
TAAATACTTCATTTTTTGATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCAATT

CPL207_LCO

TTTGGGGCGTGATCAGGAATAGTAGGAACATCATTAAAGAATCTTAATTCGAGCTGAATTAGGCCATCCCGG
AGCACTAATTGGAGACGATCAGATTTATAATGTAATTGTTACTGCTCACGCATTTGTTATAATTTTTTTTATA
GTAATACCTATTATAATTGGAGGATTTGGAAACTGATTAGTCCCATTAATATTAGGAGCACCTGATATAGCA
TTTCCTCGAATAAATAATATAAGTTTTTGATTATTACCCCGGCTCTTCCCTTTTATTAGTAAGTAGTATAG
TGGAAAACGGAGCTGGGACCGGTGAACGGTTTACCCTCCTCTATCTAGAGTAATTGCTCATGGAGGAGCT
TCCGTTGATTTAGCTATTTTTTCATTACATTTAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGTGCTGTAAATTTTATTAC
AACAGTAATTAATATACGATCTACAGGTACTTTTGATCGAATACCTTTATTGTATGATCAGTTGTAATT
ACTGCACTATTATTACTTTCTTTACCAGTATTAGCCGGAGCTATTACTATATTATTAAGTATCGAAATT
TAAATACTTCATTTTTTGATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCAATT

11.1.6 Familia Fanniidae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Fannia canicularis* HQ979161.1

CPL213_LCO

TGGTGCTTGATCTGGNATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAAC
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAA
TACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL215_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAAC
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAA
TACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL216_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAAC
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAA
TACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL221_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAAC
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAA
TACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL223_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTGGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAA
TGCCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCTCTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
TCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCTCCAGCTTAACTTTATTACTAGTAAGAAGTATAGTAGA
AAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAGT
TGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTCTCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAAC
TGATTAACATACGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCCGTAGTTATTACAGC

TTTATTACTTTTATCTCTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT
ACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL258_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAACT
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAA
TACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL278_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAACT
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAA
TACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL279_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAACT
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAA
TACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL204_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAACT
GTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTTATTACAG
CTTTATTACTTTTATCTTTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAATCTTAA
ACCTCATTCTTTGATGCTGCAG

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Fannia* sp. KR663831.1

CPL217_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTGGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAA
TGCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCCTTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
TCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCTCCAGCTTAACTTTATTACTAGTAAGAAGTAGTAGTA
AAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAGT
TGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTCTCTATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAACT

TGATTAACATACGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCCGTAGTTATTACAGC
TTTATTATTACTTTTATCTCTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT
ACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL222_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTGGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAA
TGCCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCTCTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
TCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCTCCAGCTTTAACTTTATTACTAGTAAGAAGTATAGTAGA
AAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAGT
TGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTCCCTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAC
TGATTAACATACGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCCGTAGTTATTACAGC
TTTATTATTACTTTTATCTCTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT
ACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL218_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTA
ATACCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
CTCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCCCCAGCTTTAACTCTATTACTAGTAAGTAGTATAGTAG
AAAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAG
TTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTTCATCTATGTGAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAC
TGTAATTAATATACGTTCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCAGTAGTTATTACA
GCTTTATTATTACTTTTATCTTTACCAGTNTTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTA
ATACTTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL286_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTGGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAA
TGCCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCTCTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
TCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCTCCAGCTTTAACTTTATTACTAGTAAGAAGTATAGTAGA
AAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAGT
TGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTCCCTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAC
TGATTAACATACGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCCGTAGTTATTACAGC
TTTATTATTACTTTTATCTCTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT
ACCTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL338_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTGGGTCATCCTGGAGC
TTTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAA
TGCCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCTCTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
TCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCTCCAGCTTTAACTTTATTACTAGTAAGAAGTATAGTAGA
AAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAGT
TGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTCCCTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAC
TGATTAACATACGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCCGTAGTTATTACAGC
TTTATTATTACTTTTATCTCTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT
ACCTCATTCTTTGATCCTGCAG

CPL201_LCO

TGGTGCTTGATCTGGTATAGTAGGGACATCTTTAAGTATTCTAATTCGAGCTGAATTGGNTCCTGGAGC
TTTAATTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAA
TGCCTATTATAAATTGGTGGATTTGGTAATTGATTAGTACCTCTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCC
TCGAATAAATAATATAAGATTTTGATTATTACCTCCAGCTTTAACTTTATTACTAGTAAGAAGTATAGTAGA
AAATGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCACTTTCATCTAACATTGCTCATAGAGGAGCTTCAGT
TGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATCTTGCAGGTATTTCCCTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAAC
TGATTAACATACGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTTGATCCGTAGTTATTACAGC
TTTATTATTACTTTTATCTCTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT

TTTATTACTTTTATCTCTACCAGTATTAGCTGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT
ACCTCATTCTTTGATCCTGCAG

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Fannia unguata* KM637525.1

CPL287_LCO

TGGTGCTTGATCAGGAATAATTGGAACCTTCATTAAGTATTTTAATTTCGAGCTGAATTAGGACACCCAGGAGC
ATTAATTGGTGATGATCAAATTTACAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATCATAATTTTTTTTATAGTT
ATACCAATTATAATTGGAGGTTTTGGTAATTGACTAGTTCATTAATATTAGGAGCTCCAGATATAGCTTTTC
CACGAATAAATAATATAAGTTTTTGATTACTACCTCCAGCTTAACTTTACTTTTAGTCAGCAGTATAGTGGA
AAAAGGAGCTGGTACAGGTTGAACTGTTTACCCACCTTTATCATCAAACATTGCACATGGAGGTGCTTCTGT
AGATTTAGCAATTTTTTCCCTTCATTTAGCTGGAATTTTCATCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACCACA
GTAATTAATATACGATCAGTTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAG
CTTTATAACTACTTTTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGACCGAAATTTAAA
CACTTCTTTTTTTGACCCAGCNG

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Fanniidae* sp. KM949195.1

CPL275_LCO

TGGTGCTTGCACTGGTATAGTAGGAACATCTTTAAGTATTTTAATTTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGAGC
ATTAATTGGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTT
ATACCTATTATAATTGGAGGTTTTGGAAATTGGTTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTC
CTCGAATAAATAATATAAGTTTCTGATTATTACCACCTGCTTTAACTTTACTACTTATAAGTAGTATAGTAGA
AAACGGAGCTGGTACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCACTTTCATCTAATATTGCTCACGGAGGAGCTTCAGT
AGATTTAGCAATTTTTTCTTTACATCTTGCAGGAATTTTCATCTATTTTAGGTGCTGTAAATTTTATTACTACTG
TTATTAATATACGATCTACTGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGTATCTGTAGTAATTACTGC
ATTATTACTACTATTATCTTTACCAGTACTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGAAATCTTAAT
ACATCATTTTTTTGACCCTGCAG

11.1.7 Familia Muscidae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Hydrotaea* sp. KT272841.1

CPL617_LCO

GGAATATTAGGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGTGCATTAATTGGTAAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTCGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGCTTCTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTCTACTTTTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAATGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATATACG
AGCAACTGGAATTACTTTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTCTTTTATTATTA
TTATCCTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTTTG
ATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTATTCTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGCCCCCGGAAATTAATAA

CPL55_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGTGCATTAATTGGTAAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTCGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGCTTCTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTCTACTTTTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAATGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATATACG
AGCAACTGGAATTACTTTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTCTTTTATTATTA
TTATCCTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTTTG
ATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTATTCTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGCCAGCGTAAAAAAGTAA
A

CPL635_LCO

GGAATATTAAGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGTGCATTAATTGGTAAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTCGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGCTTCTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTCTACTTTTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAATGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATATACG
AGCAACTGGAATTACTTTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTCTTTTATTATTA
TTATCCTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTTTG
ATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTATTCTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGCCACCCTGAAAGTTTAA

CPL638_LCO

GGAATATTAGGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGTGCATTAATTGGTAAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTCGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGCTTCTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTCTACTTTTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAATGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATATACG
AGCAACTGGAATTACTTTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTCTTTTATTATTA
TTATCCTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTTTTTG
ATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTATTCTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGCCCCCGAGGAGGTTAA
A

CPL706_LCO

GGAATATTAGGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGTGCATTAATTGGTAAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTCGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGCTTCTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTCTACTTTTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAATGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATATACG
AGCAACTGGAATTACTTTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTCTTTTATTATTA
TTATCCTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAAATTTAAATACTTCTTTTTTTG
ATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTATTCTATATCAACATTTATTTGATTTTTTGCCCCGGAAAGTAAAA

CPL340_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGTGCATTAATTGGTAAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTCGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGCTTCTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTCTACTTTTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAATGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATATACG
AGCAACTGGAATTACTTTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTCTTTTATTATTA
TTATCCTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAAATTTAAATACTTCTTTTTTTG
ATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTATTCTATATCAACATTTATTTGATTTTTTGTCAC

CPL337_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCATCCTGGTGCATTAATTGGTAAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTCGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGCTTCTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTCTACTTTTAGTAAGTAGTATAGTTGAAAATGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCACATGGAGGAGCTTCAGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTCAATTCTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATATACG
AGCAACTGGAATTACTTTTGATCGAATACCATTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTCTTTTATTATTA
TTATCCTTACCAGTTTTAGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAAATTTAAATACTTCTTTTTTTG
ATCCTGCTGGAGGAGGAGATCCTAT

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Synthesiomyia nudiseta* EU627713.1**

CPL973_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCCCAGCTTTTATTATAATTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCCTTATTTCGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTACTATATTATTAACAGACCAGAACTAAATACTTCAATTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCACCCCGAAAAATAAA
AA

CPL978_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCCCAGCTTTTATTATAATTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGAAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACTTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT

TTTTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTAGGTGCAGTAAATTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCGAAACCTAAATACTTCAATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCCACCTGAAAAGTTAA
A

CPL977_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTTGTTACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTCTTCCCTCCTGCTTTAACATTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCGAAACCTAAATACTTCAATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCCCCAAAAATTATAA
AA

CPL976_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTTGTTACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTCTTCCCTCCTGCTTTAACATTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCGAAACCTAAATACTTCAATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCCCTGGAAAAGTTAAA
A

CPL37_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTTGTTACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTCATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTCTTCCCTCCTGCTTTAACATTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCGAAACCTAAATACTTCAATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCCAGCCAAAAATATAA
AAA

CPL66_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTTGTTACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTCTTCCCTCCTGCTTTAACATTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGATCTGTAGTAATTACAGCTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCGAAACCTAAATACTTCAATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCCAGCGGAGAGATATA
AAAA

CPL343_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACATTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTCTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGTATCTGTAGTAATTACAGCTTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCAGAACTAAATACTTCATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAAT

CPL341_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACATTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTCTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGTATCTGTAGTAATTACAGCTTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCAGAACTAAATACTTCATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAAT

CPL369_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCACTTATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTATGGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCCTCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTCTTCCTCCTGCTTTAACATTACTATTAGTTAGTAGAATAGTAGAAAAATGGAGCTGG
AACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCTTCAAATATTGCACATGGAGGAGCCTCAGTAGATTTAGCTATT
TTTTCTCTCACTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACAGTAATTAATATAC
GATCAACAGGTATTACATTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGTATCTGTAGTAATTACAGCTTTATTATTATT
ATTATCATTACCTGTACTTGCAGGAGCAATTAATTAACAGACCAGAACTAAATACTTCATTTTTT
GATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCAAT

- **Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Muscina stabulans* KM676394.1**

CPL974_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCCCTAAGTATCCTAGTACGAACTGAATTAGGACATCCTGGTGCTTTAATTGGGGAT
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATGCCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCCCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAAACATTACTTGTAAAGTAGTATAGTTGAAAAGGGAGCTG
GAACTGGTTGAACCGTTTACCCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTAT
TTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCGTAATTAATATA
CGATCCACAGGTATTTCAATTTGATCGTATACCTTATTTGTTTGTATCAGTAGTAATTACAGCATTACTTTC
TTTTATCCTTACCTGTTTGTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAATACTTCATTCTTT
GACCCCGCAGGAGGAGGAGATCCAATCTTTACCAACATTTATTTTGTATTTTTTGGTCTGCCCGAAAAGTA
TAAAA

CPL42_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCCCTAAGTATCCTAGTACGAACTGAATTAGGACATCCTGGTGCTTTAATTGGGGAT
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATGCCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCCCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAAACATTACTTGTAAAGTAGTATAGTTGAAAAGGGAGCTG
GAACTGGTTGAACCGTTTACCCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTAT
TTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCGTAATTAATATA

CGATCCACAGGTATTTCAATTTGATCGTATACCCTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCATTATTACTTC
TTTTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAATACTTCATTCTTT
GACCCCGCAGGAGGAGGAGATCCAATTCCTTACCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCACTGAAAGTTTAA

CPL59_LCO

GGAATAGTAGGAACTCCCTAAGTATCCTAGTACGAACTGAATTAGGACATCCTGGTGCTTTAATTGGGGAT
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATGCCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCCCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAAACATTATTACTTGTAAAGTAGTATAGTTGAAAAGGGAGCTG
GAACTGGTTGAACCGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTAT
TTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCGTAATTAATATA
CGATCCACAGGTATTTCAATTTGATCGTATACCCTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCATTATTACTTC
TTTTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAATACTTCATTCTTT
GACCCCGCAGGAGGAGGAGATCCAATTCCTTACCAACATTTATTTTGATTTTTTGTCACTGCGAAAGAGATA
AAAAAA

CPL62_LCO

GGAATAGTAGGAACTCCCTAAGTATCCTAGTACGAACTGAATTAGGACATCCTGGTGCTTTAATTGGGGAT
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATGCCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCCCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAAACATTATTACTTGTAAAGTAGTATAGTTGAAAAGGGAGCTG
GAACTGGTTGAACCGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTAT
TTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCGTAATTAATATA
CCATCCACAGGTATTTCAATTTGATCGTATACCCTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCATTATTACTTC
TTTTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAATACTTCGTTCTTT
GACCCCTCAGGAGGAGGAGATCCAATTCCTTACCAACATTTATTTTGATTTTTTGGTTGTGCGCCCAATTA
AAA

CPL65_LCO

GGAATAGTAGGAACTCCCTAAGTATCCTAGTACGAACTGAATTAGGACATCCTGGTGCTTTAATTGGGGAT
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATGCCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCCCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAAACATTATTACTTGTAAAGTAGTATAGTTGAAAAGGGAGCTG
GAACTGGTTGAACCGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTAT
TTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCGTAATTAATATA
CGATCCACAGGTATTTCAATTTGATCGTATACCCTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCATTATTACTTC
TTTTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAATACTTCATTCTTT
GACCCCGCAGGAGGAGGAGATCCAATTCCTTACCAACATTTATTTTGATTTTTTGGTTCATGCGGCAAAGTA
TAAAA

CPL67_LCO

GGAATAGTAGGAACTCCCTAAGTATCCTAGTACGAACTGAATTAGGACATCCTGGTGCTTTAATTGGGGAT
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATGCCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCCCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAAACATTATTACTTGTAAAGTAGTATAGTTGAAAAGGGAGCTG
GAACTGGTTGAACCGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTAT
TTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCGTAATTAATATA
CGATCCACAGGTATTTCAATTTGATCGTATACCCTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCATTATTACTTC
TTTTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAATACTTCATTCTTT
GACCCCGCAGGAGGAGGAGATCCAATTCCTTACCAACATTTATTTTGATTTTTTGGTTCACGTGGGAAGGGG
TAAAAAA

CPL339_LCO

GGAATAGTAGGAACCTCCCTAAGTATCCTAGTACGAACTGAATTAGGACATCCTGGTGCTTAAATTGGGGAT
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTCATAGTAATGCCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATATTAGGAGCACCAGATATAGCATTCCCCGAATAAATA
ATATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCCGCATTAACTATTACTTGTAAAGTAGTATAGTTGAAAAGGGAGCTG
GAACTGGTTGAACCGTTTACCCTCCTTTATCTTCAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTAT
TTTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACAACCGTAATTAATATA
CGATCCACAGGTATTTCAATTTGATCGTATACCCTTATTTGTTTGATCAGTAGTAATTACAGCATTATTACTTC
TTTTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGTAATTTAAATACTTCATTCTT
GACCCCGCAGGAGGAGGATCCAAT

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Musca domestica* KR262647.1

CPL967_LCO

GGGATAGTAGGAACATCATTAAAGAATTTTAAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGTGCTCTAATTGGAGA
CGATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATACCTATTATA
ATTGGAGGGTTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCTCGAATGAAT
AATATAAGTTTTGATTATTACCTCCTGCATTAACCTCTATTATTAGTAAGAAGTATAGTAGAAAAGGGGGCT
GGAACAGGTTGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCAATTATTGCTCATGGTGGAGCTTCAGTTGATTAGCTA
TTTTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGTGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTTATTAACAT
ACGATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCAGTTGTAATTACTGCATTATTATTA
TACTATCTCTTCTGTTCTTGCTGGAGCTATTACTATACTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTCATTCTT
TGACCCAGCTGGAGGAGGTGATCCAATTTTATCAACACTTATTCTGATTTTTTGGTCCACCTGAAAATAT
AAAA

CPL970_LCO

GGTATAGTAGGAACATCATTAAAGAATTTTAAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGTGCTCTAATTGGAGAC
GATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATACCTATTATAA
TTGGAGGGTTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCTCGAATGAATA
ATATAAGTTTTTGATTATTACCTCCTGCATTAACCTCTATTATTAGTAAGAAGTATAGTAGAAAAGGGAGCTG
GAACAGGTTGAACTGTTTATCCACCTTTATCATCAATTATTGCTCATGGTGGAGCTTCAGTTGATTAGCTAT
TTTCTCTTCACTTAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACCTGTTATTAACATA
CGATCAACAGGAATTACATTCGATCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCAGTTGTAATTACTGCATTATTATTAT
TATTATCTCTTCTGTTCTTGCTGGAGCTATTACTATACTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTCATTCTT
GACCCAGCTGGAGGAGGTGATCCAATTTTACCAACACTTATTCTGATTTTTTGGTCCACCTGAAAAGATT
AAA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Haematobia irritans* DQ029097.1

CPL717_LCO

GGAATAATAGGTAACCTTAAAGTATTTAATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGGAGCATTGATTGGTGAT
GATCAAATTTATAATGTTATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATGCCAATTATAAT
TGGAGGTTTTGGAAATTGATTAGTCCCTTAATATTGGGAGCCCCAGATATAGCTTTTCCACGAATAAACAA
TATAAGTTTTTGATTATTGCCCCAGCTTTAACTTTACTTTTAGTCAGCAGTATAGTAGAAAACGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACCGTTTACCACCTTTATCCTCAAACATTGCACATGGAGGAGCTTCTGTAGATCTAGCAATT
TTTTCTCTTCAATTTAGCCGGTATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACAGTAATTAATATACG
AGCAATTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTTGTAATTACAGCTTATTATTACTT
TTATCCTTACCTGTTTTAGCTGGAGCTATTACAATATTATTAAGTATCGAAATTTAAATACTTCATTCTT
ACCCAGCCGAGGAGGAGATCCTATTTTATATCAACATTTATTTTGATTTTTTGGTCCACCTGAAAATTTTAA
A

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Hydrotaea armipes* KR519346.1

CPL219_LCO

GGGATAATTGGTACTTCATTAAGTATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCTTTAATTGGTGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGACTTTTACCACCTGCTTTAACTTTACTCTTAGTTAGCAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCCTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATACACG
ATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTTCTTTACTT
TTATCATTACCAGTTTTAGCAGGAGCAATTACTATACTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCATTTTTTG
ATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCTAT

CPL259_LCO

GGGATAATTGGTACTTCATTAAGTATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCTTTAATTGGTGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGACTTTTACCACCTGCTTTAACTTTACTCTTAGTTAGCAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCCTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATACACG
ATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTTCTTTACTT
TTATCATTACCAGTTTTAGCAGGAGCAATTACTATACTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCATTTTTTG
ATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCTAT

CPL264_LCO

GGGATAATTGGTACTTCATTAAGTATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCTTTAATTGGTGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGACTTTTACCACCTGCTTTAACTTTACTCTTAGTTAGCAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCCTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATACACG
ATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTTCTTTACTT
TTATCATTACCAGTTTTAGCAGGAGCAATTACTATACTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCATTTTTTG
ATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCTAT

CPL195_LCO

GGGATAATTGGTACTTCATTAAGTATTTTAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGAGCTTTAATTGGTGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAAT
TGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCCCTCGAATAAATAA
TATAAGTTTTGACTTTTACCACCTGCTTTAACTTTACTTTTAGTTAGCAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGGT
ACAGGTTGAACTGTTTACCCTCCTTTATCCTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGATTTAGCTATTT
TTTCTTTACATTTAGCAGGAATTTATCAATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACTGTAATTAATANACG
ATCAACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTATGATCAGTAGTAATTACTGCTCTTCTTTACTT
TTATCATTACCAGTTTTAGCAGGAGCAATTACTATACTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCATTTTTTG
ATCCAGCTGGAGGAGGAGATCCTAT

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Hydrotaea spinigera* KF562116.1

CPL225_LCO

GGAATAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTTCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTGTCTATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTGTTGATCTGTTGTAATTACTGCCTATTACTTTT

ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGGAGGAGGTGACCCTAT

CPL224_LCO

GGAATAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTGTGCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAAACAGTNATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGGAGGAGGTGACCCTAT

CPL220_LCO

GGAATAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTGTGCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGGAGGAGGTGACCCTAT

CPL214_LCO

GGAATAATTGGAACATCCCTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGCTTCTGATTACTTCTCCTGCTCTATCTTTACTTTTTAGTGAGCAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTGTGCATCTAACATTGCACATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACAGTAATTAACATA
CGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCTGGCGCAATTACTATACTATTAACAGACCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGGAGGAGGTGACCCTAT

CPL241_LCO

GGAATAATTGGAACATCCCTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATTGGAGAT
GATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTTCCCTTTAATATTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCCTCGAATAAATA
ATATAAGCTTCTGATTACTTCTCCTGCTCTATCTTTACTTTTTAGTGAGCAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACTGGTTGAACTGTTTACCCTCCTGTGCATCTAACATTGCACATAGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATTACTACAGTAATTAATA
CGATCTACAGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGGTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
TATTATCTCTACCTGTATTAGCTGGTGCAATTACTATACTATTAACAGACCGGAATTTAAATACCTCCTTCTT
TGACCCAGCAGGAGGAGGAGACCCAAT

CPL283_LCO

GGAATAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTGTGCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT

ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGGAGGAGGTGACCCTAT

CPL196_LCO

GGAATAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTCTGTCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL206_LCO

GGANTAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTCTGTCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL200_LCO

GGANTAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTCTGTCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL202_LCO

GGANTAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTCTGTCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL203_LCO

GGANTAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTCTGATTACTTCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTCTGTCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT

ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATNTTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCCGNNNNNNNNNNNNNNNNNNN

CPL205_LCO

GGANTAATCGGAACATCTTTAAGAATTTTAATTCGAGCTGAACTTGGACATCCTGGAGCTTTAATCGGAGAT
GATCAAATTTACAATGTAATTGTAACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCAATTATAA
TTGGTGGATTTGGTAATTGACTTGTCCCTTTAATGTTAGGAGCACCAGATATGGCTTTCCACGAATAAACA
ATATAAGTTTTCTGATTACTTCCTCCTGCTTTATCTTTACTTTTTAGTGAGTAGAATAGTTGAAAACGGAGCTGG
TACCGGTTGAACTGTTTACCCCCCTCTGTCATCTAACATCGCTCATGGAGGAGCATCGGTTGACTTAGCAAT
TTTCTCTCTTCATTTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGAGCTGTAAATTTTATCACAAACAGTAATTAATATA
CGATCTACTGGAATTACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTTGTAATTACTGCCCTATTACTTTT
ATTATCTCTACCTGTATTAGCGGGTGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCTTTCTTT
GACCCAGCAGGAGGAGGTGGACCCTA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Helina troene* KR683750.1

CPL68_LCO

GGTATAATTGGAACCTCATTAGAATTCTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCTGGAAATTTAATTGGAGAC
GACCAAATTTATAACGTAATTGTAACAGCACATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAA
TTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTCCCTTTAATACTAGGAGCCCCAGATATAGCCTTTCCCTCGGATAAACA
ATATAAGATTTTGACTATTGCCTCCTGCTTTAATTTTACTACTCGCCAGCAGCATAGTGGAATAATGGGTCTG
GTACTGGATGAACGGTTTACCCTCCTTTATCATCTAACACCGCTCACAGAGGAGCTTCTGTTGATTTAACAA
TTTTCTTTTACATTTAGCTGGAATCTCATCTATTTTAGGGGCTGTAAATTTTATTACAACCTGTAATTAATAT
ACGCTCAACAGGAATTTTCAATTTGACCGTATAACCACTATTTGTCTGATCAGTTGCTATTACAGCCTTATTATTA
CTTTTGTCTCTCCCTGTACTAGCTGGAGCTATTACAATACTACTAACAGATCGAAATTTAAACACTTCATTTT
TTGACCCAGCTGGAGGAGGTGACCCTAT

11.1.8 Familia Phoridae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Megaselia scalaris* KX266965.1

CPL242_LCO

ACATCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGTGCTTTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACTGCCCATGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GAAATTGATTAGTCCCCTTAATATTAGGGGCACCTGATATGGCTTTTCCACGAATAAATAATATAAGTTTTT
GAATACTTCCCCCTTCTCTAACTCTTTTATTAGCAAGAAGTATAGTAGAAAATGGAGCCGGAAGCTGGTTGAA
CAGTTTATCCACCCCTATCTTCTAGAATTGCCATAGAGGAGCTTCAGTCGATTTAGCAATTTTTTCATTACA
TCTTGCCGGAATTTCTTCTATTCTTGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAATTATTAATATACGATCTACAGGA
ATTACTTTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGGTATTACTGCTCTTTTATTATTACTTTCACTACC
TGTTCTAGCAGGTGCTATTACTATACTATTAACAGACCGAAATTTAATACATCATTCTTTGATCCTGCGGG

CPL243_LCO

ACATCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCTGAATTAGGGCACCCCGGTGCTTTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACTGCCCATGCATTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GAAATTGATTAGTCCCCTTAATATTAGGGGCACCTGATATGGCTTTTCCACGAATAAATAATATAAGTTTTT
GAATACTTCCCCCTTCTCTAACTCTTTTATTAGCAAGAAGTATAGTAGAAAATGGAGCCGGAAGCTGGTTGAA
CAGTTTATCCACCCCTATCTTCTAGAATTGCCATAGAGGAGCTTCAGTCGATTTAGCAATTTTTTCATTACA
TCTTGCCGGAATTTCTTCTATTCTTGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAATTATTAATATACGATCTACAGGA
ATTACTTTTGATCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGGTATTACTGCTCTTTTATTATTACTTTCACTACC
TGTTCTAGCAGGTGCTATTACTATACTATTAACAGACCGAAATTTAATACATCATTCTTTGATCCTGCGGG

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Megaselia rufipes* KR749159.1

CPL251_LCO

ACTTCATTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCAGGTGCTCTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACTGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTTATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GAAATTGATTAGTTCCTTTAATACTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACTCTACTATTAGCCAGAAGTATAGTAGAAAACGGAGCTGGAAGCTGGTTGAAC
AGTTTACCCTCCACTTTCTTCTAGAATTGCCATAGTGGAGCTTCTGTAGATTTGGCAATTTTTTCTTTCATC
TAGCTGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACAACAATTATTAATATACGATCTTCAGGAAT
TACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCTGTTGGAATTACTGCTCTTTTATTATTATTATCATTACCTG
TATTAGCAGGAGCTATTACAATATTACTAACTGATCGAAATTTAATACTTCATTTTTTTGATCCAGCCGG

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Megaselia* sp. KR990652.1

CPL257_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGCCATCCTGGTGATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGACTAGTTCCTTAATATTGGGAGCTCCTGATATAGCTTTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTTTG
AATACTACCCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGAATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGCTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCGCTTTCTTCTAGAATCGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATC
TAGCCGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAACTTTTATTACTACAATTATTAATATACGATCTTCCGGAAT
TACTTTGACCGAATGCCTTTATTTGTGTGATCTGTAGGAATTACAGCTCTTCTTCTATTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCTATTACAATATTAACTGATCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGATCCAGCCGG

CPL239_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG

AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAACCTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGAAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGAATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL266_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAACCTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGAAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL246_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAACGGAGCTGGAACCTGGATGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGCGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGGAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL263_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAACCTGGATGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGGAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL240_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAACCTGGATGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGGAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL247_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAACCTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGAAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGAATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL228_LCO

ACTTGTTAAAGTTTTATAATTCGGGCCGAATTACTACACCCAGGTGCTGAAAATGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATAGTAATACCTATAAATAAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGAGATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGAAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL237_LCO

ACTTGTTTAGGTTTTATAATTTGGGGTTCGACTTGGGCCCCCCCAGCAAAAAAAGGAGATAACCAAATTTAT
AATGAAATTTGTTACAGCCCATGCTTTTAAATAAATTTTTTTAAAGTAATACCTATAAATAAGGAGGATTTG
GGTAATTGATTAGTTCCTTTATTATTAGGAGCTCATGATAAGCTTTCCCCGAAGAAATAACATAAGTTTT
TGCATACTACCCCTTCTTTAACACTTTAATTAGCCAGTAGTATAGTGGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGA
ACAGTTTCCCCTCCTCTTTCTCTAGAATTGCTCATAGGGGAGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCATCA
TTTAGCCGGATTTCTTTAATTTAGGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATAAAAAACGATCTACTGG
AATCACTTTGACCGAATACCTTAATTTGTGTGACCGGATGGGATAACAGCTCTTCTTTGTTATTTCTTA
CCTGTACTTGCGGGGAGCATTACATTATTTTAACTGACCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCGCGG
G

CPL5_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGGCATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCTCTTTCTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
AGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGGGAGTAAATTTTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGAATC
ACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
ACTTGCCGGAGCAATTACATATTATT-AACTGACCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL70_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGGAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACGGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACATATTATT-AACTGACCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL72_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCTCTTTCTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATT
AGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGGAAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACGGCTCTTCTACTATTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACATATTATT-AACTGACCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL73_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAAAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAAC

AGTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTAGCTATTTTTCCCTTCATT
AGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTACTACTACAATTATAATACGATCTCTGGAATC
ACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGT
ACTTGCCGGAGCAATTACATATTATT-AACTGACCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL76_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGGGCTGGAACCGGATGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTACTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGGAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTTGGGATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACATATTATT-AACTGACCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCCGG

CPL77_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAAGCTGGATGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTAGCTATTTTTCCCTTCATT
TAGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGGAT
CACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGGATTACGGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACATATTATT-AACTGACCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCCGG

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Megaselia* sp. KR435663.1

CPL107_LCO

ACTTCTTTAAGTATCATAATTCGAGCTGAATTAGGACATCCTGGTGCATTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTTATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAATAAATAATATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGGGCTGGAAGCTGGATGAAT
AGTTTATCCTCCTCTTTCTTCAAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTAGCAATTTTCTCTCTCATT
TAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACTACAATCATTAAATATACGATCTTCTGGAAT
TACCTTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCTGTAGGAATTACAGCTTTATTATTATTATCTTTACCTGT
TACTTGCCGGAGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGATCCTGTCTGG

CPL152_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAAGCTGGATGAACA
GTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTAGCTATTTTTCCCTTCATT
AGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGAATC
ACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGNATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGT
ACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTATCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCGAG

CPL148_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAAGCTGGATGAACA
GTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTAGCTATTTTTNCCTTCATT
AGCCGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGGAATC

ACTTTGACCCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGNATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGT
ACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCNTGCGAG

CPL143_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTGA
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAACA
GTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATTTA
GCCGGAATCTCTCAATTTTAGGNGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGAATCA
CTTTGACCCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGNATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGTA
CTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCGAG

CPL142_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATNATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTGA
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAACA
GTTTACCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATTT
AGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGNATC
ACTTTGACCCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGNATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGT
ACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCGAG

CPL156_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTGA
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAACA
GTTTACCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATTT
AGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGGATC
ACTTTGACCCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGNATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGT
ACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCGAG

CPL128_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTGA
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAACA
GTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGGGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATTT
AGCCGGAATCTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGAATC
ACTTTGACCCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGAATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGT
ACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGANCCCTGCGAG

CPL134_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTGA
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAACA
GTTTATCCTCCTCTTTCTTCTAGAATTGCTCATAGTGGTGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATTTA
GCCGGAATCTCTCAATTTTAGGNGCAGTAAATTTTACTACAATTATTAATATACGATCTTCTGGAATCA
CTTTGACCCGAATACCTTTATTTGTGTGATCTGTTGGNATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGTA
CTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCGAG

CPL126_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGGGCTGGAAGTGGATGAACA
GTTTATCCTCCTCTTTCTTAGAATTGCTCATAGTGGTGCCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATTTA
GCCGGAATCTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGNNATCA
CTTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTTGGNATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGTA
CTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCGAG

CPL109_LCO

ACTTCTTTAAGTATTATAAATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGTGCATAATTGGTGATGACCAAATTTATA
ATGTAATTGTTACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTGG
TAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCCGAATAAATAACATAAGTTTTTG
ATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGATGAACA
GTTTACCCTCCTCTTTCTTAGAATTGCTCATAGTGGTGCCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCCCTTCATTT
AGCCGGAATCTTCAATTTTAGGGGCAGTAAATTTTACTACAATTATAATATACGATCTTCTGNNATC
ACTTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCTGTTGGAATTACAGCTCTTCTACTGTTATTATCTTTACCTGT
ACTTGCCGGAGCAATTACAATATTATTAAGTACCAGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCGAG-

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Phoridae* sp. KR680319.1

CPL157_LCO

ACTTCATTAAGTATTATAAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGTGCCTTAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTAATTGTAACCGCTCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTTG
AATATTACCTCCCTCTTTGACTCTTTTATTAGCCAGAAGTATAGTAGAAAACGGAGCTGGAAGTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCTCTTTCTTAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCTTTACATC
TAGCTGGTATTTCTCTATTTTAGGGGCAGTAAATTTTACTACTATTATAATATACGATCTTTCAGGAAT
TACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTTGGAATTACAGCTCTTTTATTACTTTTATCTTTGCCAG
TTTTAGCTGGTGCTATTACTATACTTTTAAACAGATCGAAATTTTAAATACATCATGTTTTGTGACCCTGTCT

CPL182_LCO

ACTTCATTAAGTATTATAAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGTGCCTTAATTGGTGATGATCAAATTTAT
AACGTAATTGTAACCGCTCACGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGAGGATTTG
GTAATTGATTAGTTCCTTTAATATTAGGGGCTCCTGATATAGCTTTTCTCGAATAAATAATATAAGTTTTG
AATATTACCTCCCTCTTTGACTCTTTTATTAGCCAGAAGTATAGTAGAAAACGGAGCTGGAAGTGGATGAAC
AGTTTATCCTCCTCTTTCTTAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCTATTTTTCTTTACATC
TAGCTGGTATTTCTCTATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACTATTATAATAAACCGATCTTTCAGGAAT
AACATTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCAGTTGGAATAACAGCTCTATACTACTTTTATCTTTGCCA
GTTTTAGCTGGTGCTATTACTATACTTTTAAACAGATCGAAATTTTAAATACATCATTTTTTGACCCTGTCTG

CPL139_LCO

ACTTCTTTAAGTATCATAAATTCGAGCTGAATTAGGACACCCTGGAGCATTAAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTTATTGTAACAGTCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGGGGATTTG
GTAATTGACTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAATAAATAATATAAGTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAATGGAGCTGGAAGTGGTGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCAAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCAATTTCTCTCTTCATT
TAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGGGCTGTAATTTTACTACAATCATTAAATATACGATCTTCTGGAAT
TACCTTTGATCGAATACCTTTATTTGTTGATCTGTAGGAATTACAGCTTTTATTATTACTATCTTTACCTGT
TACTTGCCGGAGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTTAAATACTTCTTTCTTTGATCCTGTCTGG

CPL160_LCO

ACTTCTTTAAGTATCATAATTCGAGCTGAACTAGGACACCCTGGAGCATTAAATTGGTGATGATCAAATTTAT
AATGTTATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGGGGATTTG
GTAATTGACTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAATAAATAATATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGGGCTGGAACCTGGTTGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCAAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATT
TAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACTACAATCATTAAATATACGATCTTCTGGAAT
TACCTTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTAGGAATTACAGCTTTATTATTATTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCTGG

CPL177_LCO

ACTTCTTTNGGATCATAATTCGAGCTGAACTTAGGACACCCTGGAGCATTAAATTGGTGATGACCAAATTTAT
AATGTTATTGTAACAGCCCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATAGGGGGATTTG
GTAATTGACTAGTTCCTTTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCACGAATAAATAATATAAGTTTTTG
AATATTACCTCCTTCTTTAACACTTTTATTAGCCAGTAGTATAGTAGAAAAATGGAGCTGGAACCTGGTTGAAC
AGTTTACCCTCCTCTTTCTTCAAGAATTGCTCATAGTGGAGCTTCTGTTGATTTAGCAATTTTCTCTCTTCATT
TAGCAGGAATTTCTTCAATTTTAGGAGCTGTAATTTTATTACTACAATCATTAAATATACGATCTTCTGGAAT
TACCTTTGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCTGTAGGAATTACAGCTTTATTATTATTATTATCTTTACCTG
TACTTGCCGGAGCAATTACTATATTATTAAGTATCGAAATTTAATACTTCTTTCTTTGACCCTGCTGGCCG

11.1.9 Familia Sarcophagidae

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Sarcophaga sarracenioides* KR992637.1

CPL972_LCO

CTTGAGCTGGTATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTCTTATTCGAGCAGAATTAGGTCATCCGGGTGCATTAA
TTGGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTTATTATAATTTCTTTATAGTTATACC
TATCATAAATTGGAGGATTCGGTAACTGACTTGTACCAATTATATTAGGAGCCCCAGATATGGCCTTCCCTCG
AATAAATAATATAAGTTTTTGACTTTTACCTCCGGCATTAACTACTACTAGTAAGCAGTATAGTAGAAAA
TGGAGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGGGGAGCTTCTGTTGA
CTTAGCTATTTTTCTCTCCATTTAGCTGGAATCTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATCACCACAGTT
ATTAATATACGATCAACTGGTATTACATTTGACCGAATACCTTTATTTGTATGATCAGTAGTAATTACAGCTT
TACTTTTATTATTCTTTACCTGTACTTGTCTGGAGCAATCACAATACTACTAACTGATCGAAATATTAATAC
TTCATTCTTTGA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Sarcophaga nodosa* KR819910.1

CPL830_LCO

CTTGAGCAGGTATAGTAGGAACATCTCTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACACCCTGGAGCCTTA
ATTGGTGATGACCAAATCTATAACGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTTATTATAATTTTCTTTATAGTAATAC
CAATTATAAATTGGAGGATTTGGAAACTGATTGGTCCCAATTATACTAGGAGCCCCAGATATAGCCTTCCCTC
GAATAAATAATATAAGATTTTGACTTTTACCTCCTGCATTAACCCTTCTTCTAGTAAGAAGTATAGTAGAAA
ATGGAGCTGGAACAGGGTGAACCTGTTTACCCTCCTTTATCTTCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTTG
ATTTAGCAATTTTTCTCTACATTTAGCAGGAATTTTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACTACAGT
TATTAACATACGATCTACAGGAATTACTTTTATGATCGAATACCTTTATTTGTTTGATCAGTAGTATTACAGCT
CTACTTTTACTTCTTCCCTTACCTGTTCTTGCAGGGGCAATTACTATACTATTAACTGACCGAAATATTAATA
CTTCATTCTTTGA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Oxysarcodexia cingarus* JQ806816.1

CPL289_LCO

CTTGATCCGGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCAGGAGCATTAA
ATTGGTGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATAC
CAATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTACCAATTATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCC
GAATAAATAATATAAGTTTTTGATTACTTCCCTCCTGCCTAACAATCTACTAGTAAGCAGTATAGTAGAAA
ATGGAGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCCCTATCCTCTAACATCGCTCATGGAGGAGCTTCTGTTG
ATTTAGCTATTTTTCTCTCATTTAGCAGGAATTTTCACTATTTTAGGAGCTGTTAATTTTATTACAACAGTA
ATTAATATACGATCAACAGGTATTACTTTGACCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACTGCAT
TATTATTACTTCTTTCTTTACCTGTCTAGCAGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAACATTAATAC
TTCATTTTTNNN

CPL359_LCO

CTTGATCCGGAATAGTAGGAACCTCTCTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCAGGAGCATTAA
ATTGGTGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATAC
CAATTATAAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTACCAATTATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCC
GAATAAATAATATAAGTTTTTGATTACTTCCCTCCTGCCTAACAATCTACTAGTAAGCAGTATAGTAGAAA
ATGGAGCTGGAACAGGATGAACCTGTTTACCCTCCCCTATCCTCTAACATCGCTCATGGAGGAGCTTCTGTTG
ATTTAGCTATTTTTCTCTCATTTAGCAGGAATTTTCACTATTTTAGGAGCTGTTAATTTTATTACAACAGTA
ATTAATATACGATCAACAGGTATTACTTTGACCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACTGCAT

TATTACTTCTTTCTTTACCTGTCTAGCAGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAACATTAATAC
TTCATTTTTNNN

CPL336_LCO

CTTGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCAGAATTAGGACACCCAGGTGCACTAA
TTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTCATTATAATTTTTTTTATGGTAATACC
AATTATAATTGGAGGATTCGGAACTGACTAGTTCCAATTATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCCCG
AATAAATAATATAAGTTTTTGACTTCTTCTCCAGCATTAACACTTCTACTAGTAAGCAGTATAGTAGAAAA
TGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCAGTTGA
TTTAGCTATTTTCTCCCTTCATTAGCAGGAATCTCATCTATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACAGTA
ATTAATATACGATCAACAGGTATTACTTTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGATCAGTAGTAATTACTGCAT
TATTATTGCTTCTTTCTTTACCTGTATTAGCAGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGAAATGTTAATAC
TTCATTCTTTGA

CPL344_LCO

CTTGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCAGAATTAGGACACCCAGGTGCACTAA
TTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTCATTATAATTTTTTTTATGGTAATACC
AATTATAATTGGAGGATTCGGAACTGACTAGTTCCAATTATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCCCG
AATAAATAATATAAGTTTTTGACTTCTTCTCCAGCATTAACACTTCTACTAGTAAGCAGTATAGTAGAAAA
TGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCAGTTGA
TTTAGCTATTTTCTCCCTTCATTAGCAGGAATCTCATCTATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACAGTA
ATTAATATACGATCAACAGGTATTACTTTTGATCGAATGCCTTTATTCGTTTGATCAGTAGTAATCACTGCAT
TATTATTGCTTCTTTCTTTACCTGTATTAGCAGGAGCTATTACAATATTATTAACAGATCGAAATGTTAATAC
TTCATTCTTTGA

CPL69_LCO

CTTGATCCGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTTTAATTCGAGCAGAATTAGGACATCCAGGAGCATT
ATTGGTGATGACCAAATTTATAACGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTTATTATAATTTTTTTCATAGTAATAC
CAATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTACCAATTATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCC
GAATAAATAATATAAGTTTTGATTACTTCTCCTGCACTAACACTTCTACTAGTAAGCAGTATAGTAGAAA
ATGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCCCTATCCTCTAACATCGCTCATGGAGGAGCTTCTGTTG
ATTTAGCTATTTTTCTCTTCATTTAGCAGGAATTCATCTATTTTAGGAGCTGTTAATTTTATTACAACAGTA
ATTAATATACGATCAACAGGTATTACTTTGACCGAATGCCTTTATTTGTTTGATCTGTAGTAATTACTGCAT
TATTATTACTTCTTTCTTTACCTGTCTAGCAGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAACATTAATAC
TTCATTTTTNNA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden al género *Oxysarcodexia* sp. R661818.1

CPL291_LCO

CTTGATCTGGAATAGTAGGAACCTTCTCTAAGAATTTTAATTCGTGCAGAATTAGGACACCCAGGTGCACTAA
TTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCCTTCATTATAATTTTTTTTATGGTAATACC
AATTATAATTGGAGGATTCGGAACTGACTAGTTCCAATTATATTAGGAGCTCCAGATATAGCATTCCCCCG
AATAAATAATATAAGTTTTTGACTTCTTCTCCAGCATTAACACTTCTACTAGTAAGCAGTATAGTAGAAAA
TGGAGCTGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCAGTTGA
TTTAGCTATTTTCTCCCTTCATTAGCAGGAATCTCATCTATTTTAGGAGCAGTAAATTTTATTACAACAGTA
ATTAATATACGATCAACAGGTATTACTTTTGATCGAATACCTTTATTCGTTTGATCAGTAGTAATTACTGCAT
TATTATTGCTTCTTTCTTTACCTGTATTAGCAGGAGCTATTACTATATTATTAACAGATCGAAANNNNNNNN
NNNNNNNNNNNN

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Spirobolomyia flavipalpis* GQ409372.1

CPL352_LCO

CTTGATCTGGAATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATTTAATTGGGGTGGGAATTATTCATCCAGGAGCCTTAA
TTGGAGATGATCAAATTTATAACGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTCATTATAATTTCTTTATAGTAATACC
AATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCAATTATATTAGGAGCTCCTGATATAGCATTCCCTCG
AATAAATAATATAAGTTTTGACTTCTTCTCCAGCTCTAACATTACTAGTAAGTAGAATAGTAGAAAA
TGGAGCTGGAACAGGATGAACGTGTCTATCCTCCTTTGTCATCTAATATTGCTCATGGAGGAGCTTCTGTTGA
TTAGCAATTTTCTCTTTCATTAGCAGGAATTTCTTCTATTTTAGGGGCAGTAAATTTTACTACTACAGTTA
TCAATATACGATCTACAGGTATTACATTTGATCGAATACCATTATTGTTTGTGATCTGTAGTAATTACTGCTTT
ATTACTTCTTTCTTTACCGTACTTGCTGGAGCTATTACTATACTTTTAACTGATCGAAATATTAATACTT
CTATCTTTGA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Helicobia rapax* KP899680.1

CPL272_LCO

CTTGAGCCGGTATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATTTCTTATTCGAGCCGAATTAGGACATCCTGGAGCATTAA
TTGGTGATGATCAAATTTATAATGTAATCGTTACAGCTCATGCTTTTATTATAATTTTTTTTATGGTAATGCC
AATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGACTAGTCCAATTATATTAGGAGCACCAGATATAGCTTTTCCCGG
AATAAATAATATAAGTTTTGACTCCTTCTCCCGCTTTAACACTATTATTGGTAAGCAGTATAGTAGAAAA
TGGGGCTGGAACAGGTTGAACGTGTTACCCTCCCCTATCTTCAATATCGCTCATGGAGGAGCTTCTGTAGA
TTTAGCTATCTTTTCTCTTTCATTTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGAGCAGTAAATTTTACTACTACAGTA
ATTAATATACGATCTTCAGGAATTACTTTTGACCGAATACCCTTTATTTGTTTGTGATCTGTAGTAATTACTGCCT
TATTATTGTTATTATCGTTACCTGTACTTGCTGGAGCAATTACTATATTATTAACAGATCGAAATATTAATAC
TTCTTTCTTTGA

- Secuencias de organismos de referencia que corresponden a la especie *Boettcheria latisterna* KT272848.1

CPL12_LCO

CTTGAGCAGGTATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATTTCTTATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGGAGCTTTAA
TTGGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTCATTATAATTTTTTTCATAGTTATAACC
TATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCAATTATACTAGGAGCCCCTGATATAGCATTTCCTCG
AATAAATAATATAAGATTTTGATTGCTTCCCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTGAAAA
TGGAGCTGGAACAGGTTGAACGTGTTACCCTCCCCTATCTTCAATATCGCTCACGGAGGAGCTTCAGTAGA
TTTAGCAATTTTTTCATTACACCTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGGGCTGTAAATTTTACTACTACAGTT
ATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGACCGAATACCCTTATTTGTTTGTGATCTGTAGTAATTACAGCT
CTTCTTTACTTCTTTCTTTACCAGTACTTGCCGGAGCTATTACAATATTATTAACCTGATCGAAATATTAATA
CTTCATTTTTTGA

CPL57_LCO

CTTGAGCAGGTATAGTAGGAACCTCTTTAAGAATTTCTTATTCGAGCTGAATTAGGTCACCCAGGAGCTTTAA
TTGGAGATGATCAAATTTATAATGTAATTGTTACAGCTCATGCTTTCATTATAATTTTTTTCATAGTTATAACC
TATTATAATTGGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCCAATTATACTAGGAGCCCCTGATATAGCATTTCCTCG
AATAAATAATATAAGATTTTGATTGCTTCCCCTGCATTAACCTTTATTATTAGTAAGTAGTATAGTGAAAA
TGGAGCCGGAACAGGTTGAACGTGTTACCCTCCTCTATCTTCAATATCGCTCACGGAGGAGCTTCAGTAGA
TTTAGCAATTTTTTCATTACACCTAGCAGGAATTTCTCAATTTTAGGGGCTGTAAATTTTACTACTACAGTT
ATTAATATACGATCAACAGGAATTACATTTGACCGAATACCCTTATTTGTTTGTGATCTGTAGTAATTACAGCT
CTTCTTTACTTCTTTCTTTACCAGTACTTGCCGGAGCTATTACAATATTATTAACCTGATCGAAATATTAATA
CTTCATTTTTTGA