

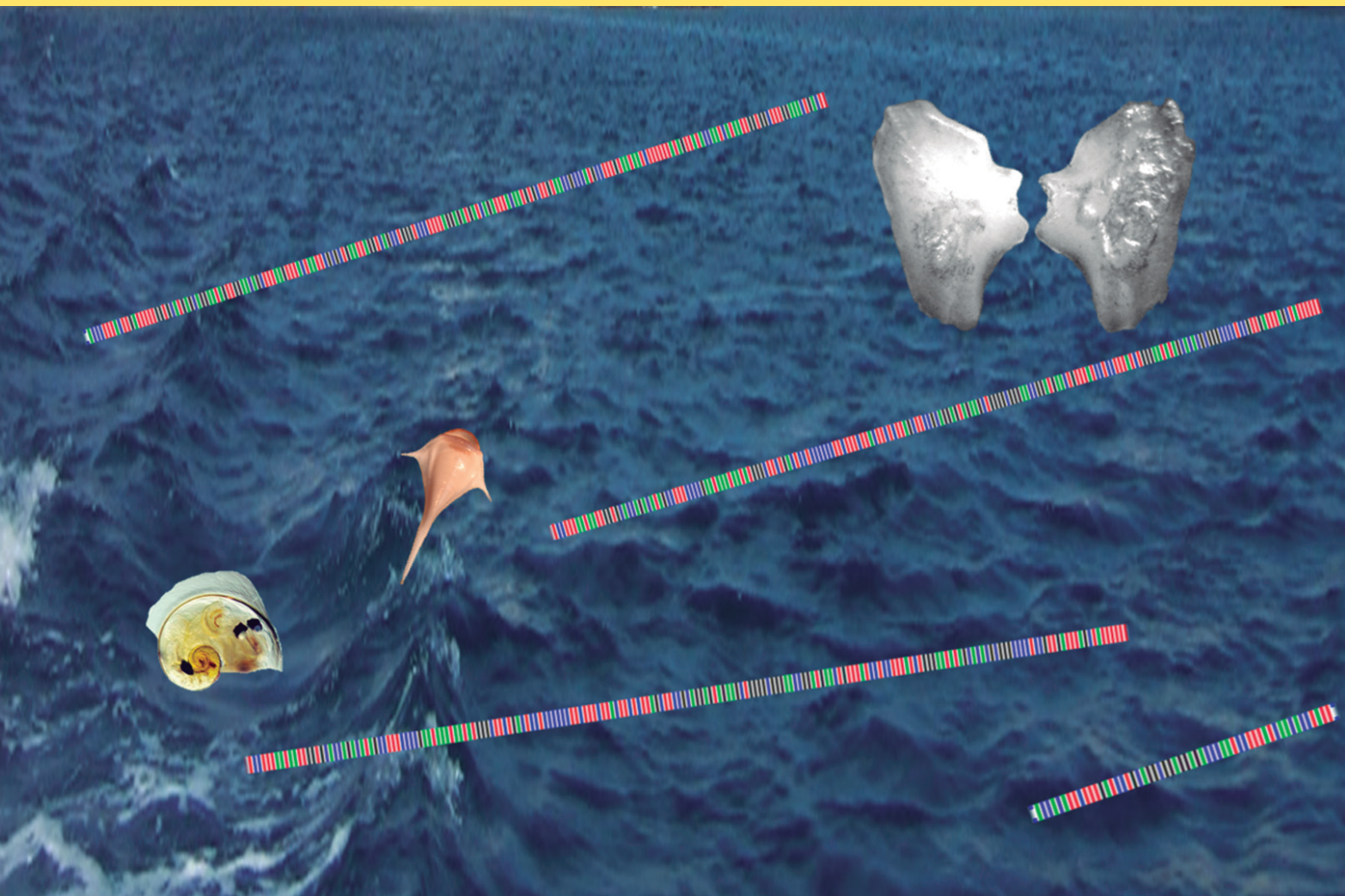


BOLETÍN

INSTITUTO DEL MAR DEL PERÚ

ISSN 0458-7766

VOLUMEN 32, Número 2



Julio - Diciembre 2017
Callao, Perú



Ministerio
de la Producción

INTEGRACIÓN DE LOS ANÁLISIS MORFOMÉTRICO, MERÍSTICO Y DE CÓDIGO DE BARRAS DE ADN EN ESPECIES BENTODEMERSALES DE AGUAS PERUANAS. OTOÑO 2014 (PARTE I)

INTEGRATION OF MORPHOMETRIC, MERISTIC ANALYSIS AND DNA BARCODING IN BENTHODEMERSAL SPECIES OF PERUVIAN WATERS. AUTUMN 2014 (PART I)

Fabiola Zavalaga Talledo¹

Giovanna Sotil Caycho

Ruslan Pastor Cuba

RESUMEN

ZAVALAGA F, SOTIL G, PASTOR R. 2017. Integración de los análisis morfométrico, merístico y de código de barras de ADN en especies bentodemersales de aguas peruanas. Otoño 2014 (Parte I). Bol Inst Mar Perú. Vol. 32(2): 214-259.- En el otoño del 2014, durante el crucero de evaluación de la población de merluza y otros demersales a bordo del BIC Humboldt, se registraron 9 familias y 12 especies: *Cephalurus cephalus* (Gilbert, 1892) "tiburón renacuajo"; *Coelorinchus canus* (Garman, 1899) "pez ratón"; *Physiculus nematopus* Gilbert, 1890 "carbonero de fango"; *Merluccius gayi* (Guichenot, 1848) "merluza"; *Cherublemma emmelas* (Gilbert, 1890) "congrío negro"; *Pontinus sierra* (Gilbert, 1890) "pez diabólico"; *Prionotus stephanophrys* Lockington, 1881 "falso volador"; *Citharichthys platophrys* Gilbert, 1891 "lenguado plato"; *Hippoglossina macrops* Steindachner, 1876 "lenguado de ojo grande"; *Hippoglossina tetraphthalma* (Gilbert, 1890) "lenguado de 4 ocelos"; *Engyophrys sanctilaurentii* Jordan y Bollman, 1890 "lenguado de cola manchada" y *Monolene maculipinna* Garman, 1899 "lenguado de aguas profundas". Se realizaron los análisis morfométrico, merístico y molecular, sirviendo el último para generar sus respectivos códigos de barras de ADN. Los ejemplares identificados morfológicamente como *H. macrops*, *C. cephalus*, *C. emmelas*, *C. canus* y *P. sierra* no pudieron ser corroborados molecularmente debido a la falta de registros en las bases de datos de nucleótidos. Las secuencias de ADN obtenidas fueron incorporadas a la base BOLD, siendo los primeros registros para estas especies. No se encontraron diferencias entre las muestras de *M. gayi* de Perú respecto a *M. gayi* reportada en Ecuador, ni *M. gayi gayi* de Chile, por lo que resulta importante realizar nuevos análisis en base a otros marcadores. Por otro lado, algunos ejemplares identificados preliminarmente como *Physiculus talarae* también presentaron características de *P. rastrelliger* y *P. nematopus*, de acuerdo al análisis morfológico realizado en laboratorio. El análisis molecular determinó que estos ejemplares corresponden a *P. nematopus*. Esto demuestra que los análisis de los caracteres morfológicos y moleculares constituyen herramientas que se complementan en las investigaciones, contribuyendo en la validación de la identificación, distribución y propagación de las especies en el subsistema bentodemersal. PALABRAS CLAVE: Análisis morfométrico, merístico, código de barras, ADN, bentodemersales, Perú

ABSTRACT

ZAVALAGA F, SOTIL G, PASTOR R. 2017. Integration of morphometric, meristic analysis and DNA barcoding in benthodemersal species of Peruvian waters. Autumn 2014 (Part I). Bol Inst Mar Peru. Vol. 32(2): 214-259.- In autumn of 2014, during the evaluation cruise of the hake and other demersal population on board the BIC Humboldt, 9 families and 12 species were recorded: *Cephalurus cephalus* (Gilbert, 1892) "tadpole shark"; *Coelorinchus canus* (Garman, 1899) "mouse fish"; *Physiculus nematopus* Gilbert, 1890 "coal of mud"; *Merluccius gayi* (Guichenot, 1848) "hake"; *Cherublemma emmelas* (Gilbert, 1890) "black conger"; *Pontinus sierra* (Gilbert, 1890) "diabolical fish"; *Prionotus stephanophrys* Lockington, 1881 "false flyer"; *Citharichthys platophrys* Gilbert, 1891 "plate sole"; *Hippoglossina macrops* Steindachner, 1876 "bigeye flounder"; *Hippoglossina tetraphthalma* (Gilbert, 1890) "Fourspot flounder"; *Engyophrys sanctilaurentii* Jordan and Bollman, 1890 "Speckled-tail flounder" and *Monolene maculipinna* Garman, 1899 "Pacific deepwater flounder". The morphometric, meristic and molecular analyzes were performed, the latter being used to generate their respective DNA barcodes. The specimens identified morphologically as *H. macrops*, *C. cephalus*, *C. emmelas*, *C. canus* and *P. sierra* could not be corroborated molecularly due to the lack of records in the nucleotide databases. The DNA sequences obtained were incorporated into the BOLD database, being the first records for these species. No differences were found between the samples of *M. gayi* from Peru with respect to *M. gayi* reported in Ecuador, nor *M. gayi gayi* from Chile, so it is important to perform new analyzes based on other markers. On the other hand, some specimens previously identified as *Physiculus talarae* also showed characteristics of *P. rastrelliger* and *P. nematopus*, according to the morphological analysis carried out in the laboratory. The molecular analysis determined that these specimens correspond to *P. nematopus*. This shows that the analysis of morphological and molecular characters constitutes complementary tools in the investigations, contributing in the validation of the identification, distribution and propagation of the species in the benthodemersal subsystem. KEYWORDS: Morphometric, meristic, barcode, DNA, benthodemersal analysis, Peru

¹ Dirección General de Investigaciones en recursos demersales y litorales. Área de investigaciones en biodiversidad. fzavalaga@imarpe.gob.pe

1. INTRODUCCIÓN

El Perú es reconocido a nivel mundial por presentar alta diversidad biológica y probablemente la mayor complejidad ecológica y biogeográfica. Esta biodiversidad constituye un invaluable patrimonio de cuya conservación somos responsables (ÁLAMO y VALDIVIESO 1997) y es el resultado de miles de millones de años de evolución. La diversidad biológica es el término que se le da a la variedad de la vida sobre la tierra y posee valor económico, social y cultural para la humanidad (CHAPIN *et al.* 2000) y según el CDB (1992) abarca la diversidad dentro de cada especie (diversidad genética) entre las especies (diversidad de especies) y de los ecosistemas (diversidad de ecosistemas).

Los sistemas marinos representan un gran potencial de recursos biológicos, no sólo por proveernos alimento, medicinas y productos industrializados, sino también porque nos brindan valiosos servicios ambientales asociados a la diversidad biológica, como el de ser sumidero de CO₂, regular procesos atmosféricos, proteger los ambientes costeros, ser fuente de recreación, entre otros (HALPERN *et al.* 2012). Es por estas razones que se debe conocer su biodiversidad, conservarla y hacer uso sostenible de sus recursos.

Las características morfométricas y merísticas han sido usadas comúnmente para conocer la identidad taxonómica de una especie (KUMAR *et al.* 2008). Sin embargo, muchas veces este análisis resulta insuficiente para lograr una identificación certera, por ejemplo, cuando los organismos presentan alta plasticidad fenotípica ocasionada muchas veces por el factor ambiental o en etapas tempranas de desarrollo (huevos y larvas).

Las técnicas moleculares aplicadas a estudios de sistemática molecular resultan de gran utilidad, ya que a partir de pequeñas cantidades de tejido es posible obtener información de la diversidad genética de las especies. Dentro de estos métodos, el desarrollo del código de barras de ADN resulta ser una herramienta emergente que complementa a la taxonomía tradicional, además de servir de manera efectiva e innovadora en el análisis, evaluación y conservación de la biodiversidad marina (TRIVEDI *et al.* 2015), ya que busca de manera rápida realizar la identificación molecular de especies a partir de una secuencia corta de ADN, en concordancia con la identificación taxonómica tradicional.

El código de barras de ADN se basa en el análisis de una porción corta, aproximadamente 648 pb (pares de bases) de la región parcial (5') del gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I (HEBERT *et al.* 2003). Esta secuencia es obtenida mediante la amplificación del ADN por la técnica de la reacción en cadena de

la polimerasa (PCR), el secuenciamiento del producto amplificado y su comparación con bases de datos públicas de nucleótidos. El BOLD Systems (Barcode Of Life Database) es una base de datos accesible que ayuda en la gestión, análisis, difusión y búsqueda de códigos de barras de ADN (ZHANG y HANNER 2011).

En este trabajo se presentan los primeros resultados obtenidos del análisis e identificación morfológica y molecular de ejemplares del subsistema bentodemersal recolectados durante el crucero de evaluación de la población de merluza y otros demersales en el otoño 2014. De esta forma, se busca contar con una base de datos de los recursos genéticos hidrobiológicos del país, de especímenes almacenados en la Colección Científica del IMARPE y registrados a través de un código de barras de ADN, contribuyendo al conocimiento de la biodiversidad marina.

2. MATERIAL Y MÉTODOS

ÁREA DE ESTUDIO.- El material para este trabajo provino de la zona comprendida desde la frontera norte del dominio marítimo peruano (3°23'S) hasta Huarney (10°00'S), que es el área de distribución de la merluza *Merluccius gayi* (Guichenot, 1848) sobre la plataforma y borde superior del talud continental (Fig. 1). El área de estudio se subdividió en función al grado latitudinal, delimitando 7 subáreas (A, B, C, D, E, F y G) y 4 estratos de profundidad (I, II, III y IV) los que fluctuaron, en general, entre 40 y más de 400 metros.

El material fue obtenido de las capturas realizadas durante el crucero de evaluación poblacional de merluza y otros recursos demersales en el otoño del 2014 a bordo del BIC Humboldt. Estuvo constituido por 50 ejemplares pertenecientes a 9 familias y 12 especies (Tabla 1).

El arte utilizado fue la red científica demersal OTB-2 código ISSCFG 03.1.2 (OKONSKI y MARTINI 1987, PRADO y PREMIERE 1988, NEDELÉC y PRADO 1999) modelo Granton de dos tapas (superior e inferior) (Fig. 2). El diseño de muestreo se basó en el método de "área barrida". El trabajo se efectuó durante 23 días entre las 06:00 y 18:00 horas, realizando 112 lances de pesca, con duración promedio de 30 minutos de arrastre efectivo y velocidad media de 3 nudos.

Los ejemplares fueron identificados mediante la Clave de peces marinos del Perú (CHIRICHIGNO y VÉLEZ 1998) y la Guía FAO para la Identificación de Especies para los Fines de la Pesca en el Pacífico Centro Oriental (FISCHER 1995). Además, se desarrolló un registro fotográfico de todos los especímenes y muestras recolectadas para incorporarlos en el presente trabajo y como parte de la propuesta de guía para el reconocimiento en campo de peces capturados en la pesquería de arrastre.

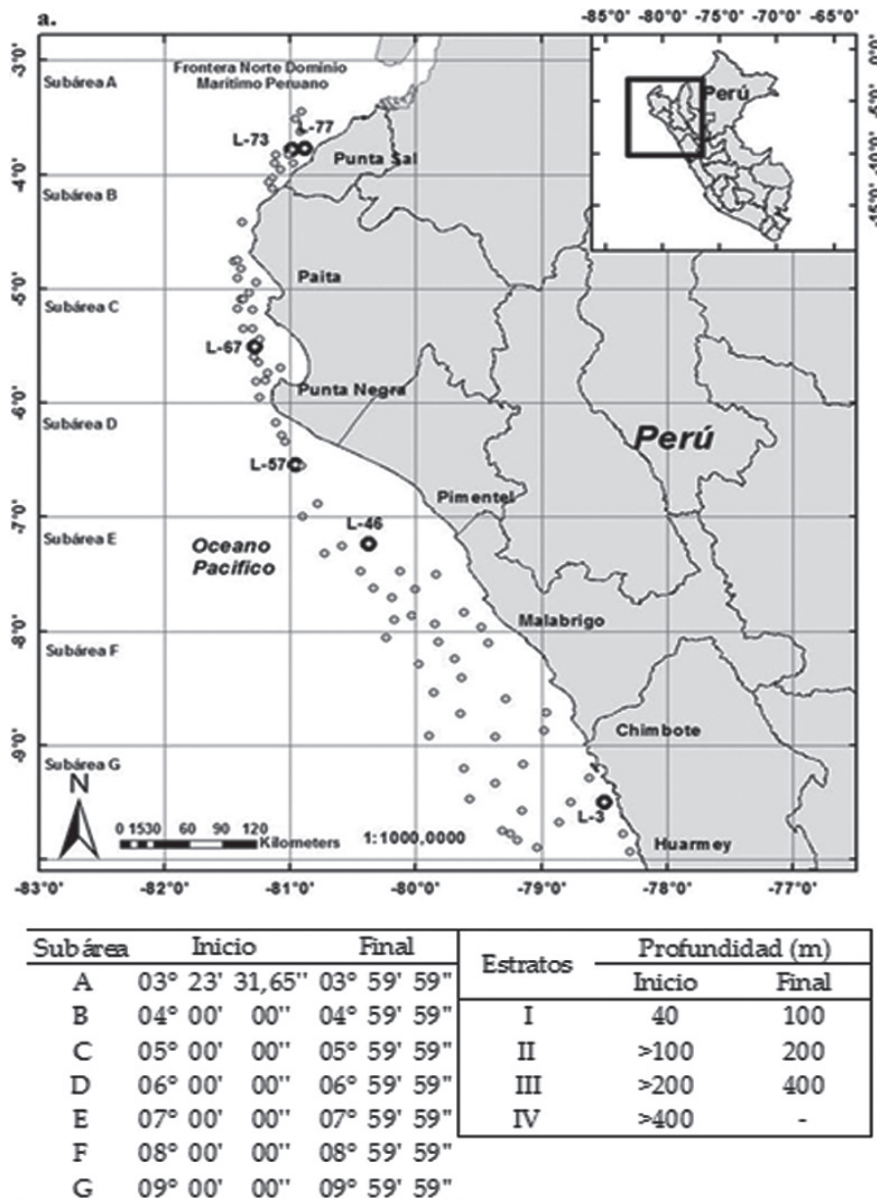


Figura 1.- Área de estudio con subáreas y estratos de profundidad. Los lances de pesca (círculos grises) indican obtención de muestras para estudio taxonómico y los círculos negros para estudio de ADN

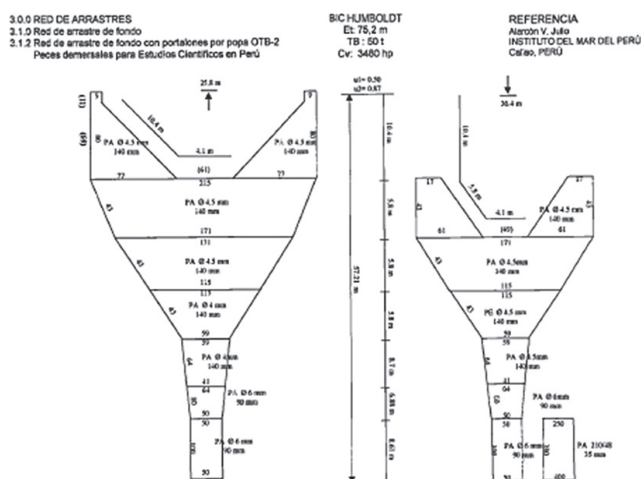


Figura 2.- Plano de la red de arrastre de fondo Granton 342/140

Los especímenes recolectados se etiquetaron (códigos de muestra) y almacenaron en frío (congelados) en bolsas de polietileno hasta su traslado al laboratorio de investigaciones en biodiversidad. Posteriormente, los especímenes fueron fijados en formaldehído al 10%, enjuagado con agua y preservados en etanol al 75% para su ulterior análisis (Tabla 1).

De los especímenes en fresco se obtuvieron, por duplicado, muestras de tejido muscular de la zona dorsal. Las muestras fueron colocadas en crioviales de 1,5 mL conteniendo 1 mL de etanol al 96%, rotuladas con un código, almacenadas en frío y transportadas al Laboratorio de Genética, para su análisis posterior.

Tabla 1.- Listado de especies, número de especímenes y muestras de tejido colectadas para el análisis e identificación morfológica y molecular

Fecha de colecta	Nombre común	Nombre científico (*)	Número de individuos	Códigos de muestra
14/05/2014	Merluza	<i>Merluccius gayi</i>	6	BG - 1, BG - 2, BG - 3, BG - 4, BG - 5, BG - 6
23/05/2014	Falso volador	<i>Prionotus stephanophrys</i>	6	BG -7, BG -8, BG -9, BG -10, BG -11, BG -12
25/05/2014	Tiburón renacuajo	<i>Cephalurus cephalus</i>	6	BG -19, BG -20, BG -21, BG -22, BG -23, BG -24
25/05/2014	Congrio negro	<i>Cherublemma emmelas</i>	6	BG -13, BG -14, BG -15, BG -16, BG -17, BG -18
31/05/2014	Lenguado de ojo grande	<i>Hippoglossina macrops</i>	6	BG -25, BG -26, BG -27, BG -28, BG -29, BG -30
31/05/2014	Pez ratón	<i>Coelorrinchus canus</i>	1	BG -31
31/05/2014	Pez diablico	<i>Pontinus sierra</i>	1	BG -32
31/05/2014	Pescadilla con barbo I	<i>Physiculus talarae</i>	8	BG -33, BG -34, BG -35, BG -36, BG -37, BG -38, BG -39, BG -40
01/06/2014	Lenguado de cuatro ocelos	<i>Hippoglossina tetraphthalma</i>	1	HP -27
01/06/2014	Lenguado de aguas profundas	<i>Monolene maculipinna</i>	6	HP -21, HP -22, HP -23, HP -24, HP -25, HP -26
02/06/2014	Lenguado I	<i>Citharichthys platophrys</i>	1	HP -68
02/06/2014	Lenguado I	<i>Citharichthys platophrys</i>	1	HP -72
02/06/2014	Lenguado de cola manchada	<i>Engyophrys sanctilaurentii</i>	1	HP -67

(*): Identificación realizada en campo

Tabla 2.- Caracteres morfométricos utilizados en identificación de los especímenes

Caracteres morfométricos	Abreviatura	Caracteres morfométricos	Abreviatura
Longitud total	LT	Longitud del hocico	Lh
Longitud estándar	LS	Anchura de la boca	AB
Longitud de la cabeza	LC	Longitud a la 1ª aleta dorsal	L1aD
Altura o ancho del cuerpo	AC	Longitud a la 2ª aleta dorsal	L2aD
Longitud de la aleta pectoral	LaP	Espacio interdorsal	EiD
Longitud de la aleta pélvica	LaPe	Espacio entre la aleta pectoral y pélvica	EaPpe
Longitud de la maxila	LM	Longitud de la 1ª espina dorsal	L1eD
Diámetro mayor del ojo	DO	Longitud postorbital de la cabeza	LpoC
Diámetro menor del ojo	dO	Longitud del hocico al margen postorbital	Lhpo
Longitud prepectoral	LpP	Longitud del hocico al preopérculo	LhpO
Longitud preorbital	Lpo		

ANÁLISIS MORFOMÉTRICO Y MERÍSTICO

En general, se utilizaron 34 caracteres mencionados en CHIRICHIGNO y VÉLEZ (1998): 21 morfométricos y 13 merísticos (Tablas 2, 3). Los peces fueron medidos del lado izquierdo utilizando una regla metálica de 300 mm y un vernier de 150 mm (precisión de 0,01 mm). Las proporciones se obtuvieron con la ayuda de un compás de dos puntas de 6". Los recuentos y observaciones de los caracteres diagnósticos (tipo de escamas y conteo de branquiespinas) se hicieron con la ayuda de azul de metileno como colorante, estereoscopio, placas petri y pinzas de punta fina y curva. Los datos fueron expresados en milímetros, proporciones y porcentajes. Todos los ejemplares fueron medidos y se utilizaron especímenes de referencia de la colección científica del IMARPE.

Los caracteres morfométricos y merísticos utilizados en cada familia son los siguientes:

Familia Pentanchidae

Se consideraron 9 variables morfométricas: longitud total, longitud prepectoral, longitud preorbital, longitud

del hocico, anchura de la boca, longitud a la 1ª aleta dorsal, longitud a la 2ª aleta dorsal, espacio interdorsal y espacio entre la aleta pectoral y aleta pélvica (Fig. 3). También se tuvo en cuenta el número de aberturas branquiales y su longitud.

Tabla 3.- Recuentos merísticos utilizados en la identificación de los especímenes

Recuentos merísticos	Abreviatura
Nº de radios en la aleta dorsal	NºRaD
Nº de radios de la aleta anal	NºRaA
Nº de radios de la 1ª aleta dorsal	NºR1aD
Nº de radios de la 2ª aleta dorsal	NºR2aD
Nº de branquiespinas en rama superior	NºBrS
Nº de branquiespinas en el centro	NºBC
Nº de branquiespinas en rama inferior	NºBrI
Nº de escamas en la línea lateral	NºELL
Nº de radios de la aleta pectoral	NºRaP
Nº de radios de la aleta pélvica	NºRaPe
Nº de radios de la aleta caudal	NºRaC
Nº de radios libres de la aleta pectoral	NºRlaP
Nº de radios branquiostegales	NºRB

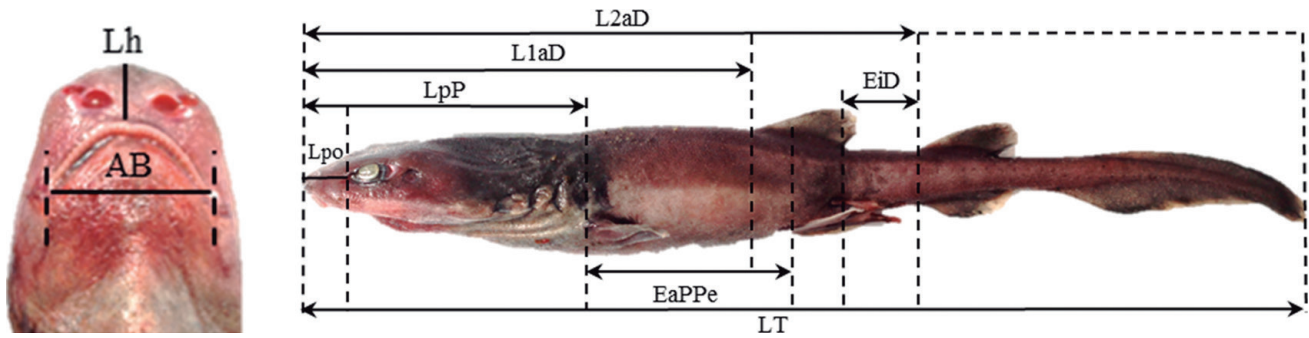


Figura 3.- Tiburón renacuajo. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud prepectoral (LpP), longitud preorbital (Lpo), longitud del hocico (Lh), anchura de boca (AB), longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD), longitud a la 2ª aleta dorsal (L2aD), espacio interdorsal (EiD), espacio entre aleta pectoral y aleta pélvica (EaPpe)

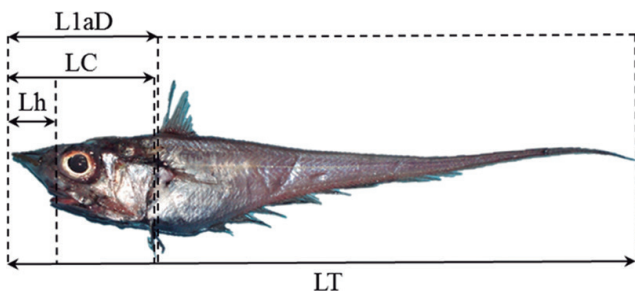


Figura 4.- Pez ratón. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud de la cabeza (LC), longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD), longitud del hocico (Lh)

Familia Macrouridae

Se midieron 4 variables morfométricas: longitud total, longitud de la cabeza, longitud del hocico y longitud a la 1ª aleta dorsal (Fig. 4) y 6 variables merísticas: número de radios en la 1ª aleta dorsal (N°R1aD), número de radios de la aleta anal (N°RaA), número de branquiespinas en la rama superior (N°BrS) e inferior (N°BrI) del primer arco branquial, número de radios de la aleta pélvica (N°RaPe) y número de radios branquiostegales (N°RB). También se consideró la proporción del hocico en la cabeza.

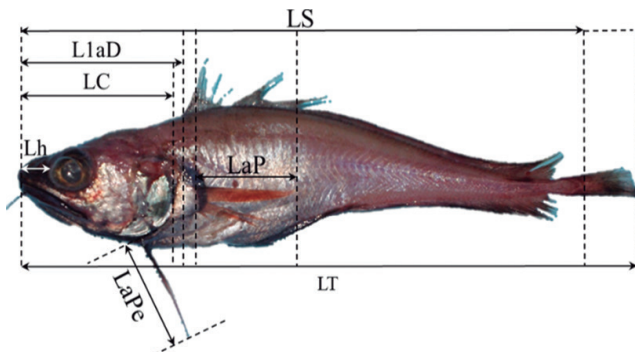


Figura 5.- Carbonero de fango. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud estándar (LS), longitud de la cabeza (LC), longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD), longitud del hocico (Lh), longitud de la aleta pectoral (LaP)

Familia Moridae

Se trabajó con 7 variables morfométricas: longitud total, longitud estándar, longitud de la cabeza, longitud de la aleta pectoral, longitud de la aleta pélvica, longitud del hocico, diámetro del ojo (Fig. 5) y 3 caracteres merísticos: número de radios de la aleta pectoral (N°RaP), número de branquiespinas de la rama superior (N°BrS) e inferior (N°BrI) del primer arco branquial. También se consideró la proporción de la longitud de la cabeza en la longitud estándar, el diámetro o longitud del ojo en la longitud de la cabeza y la longitud de la aleta pélvica en la longitud estándar.

Familia Merlucciidae

Se midieron 6 variables morfométricas: longitud total (LT), longitud estándar (LS), longitud de la cabeza (LC), longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD), longitud a la 2ª aleta dorsal (L2aD), longitud de la aleta pectoral (LaP) (Fig. 6) y 4 caracteres merísticos: número de radios en la 1ª aleta dorsal (N°R1aD) y en la 2ª aleta dorsal (N°R2aD), número de branquiespinas a nivel de la rama superior (N°BrS) y a nivel de la rama inferior (N°BrI) del primer arco branquial. Además, se consideró la proporción de la longitud de la cabeza en la longitud estándar, el diámetro o longitud del ojo en la longitud de la cabeza y la longitud de la aleta pélvica en la longitud estándar.

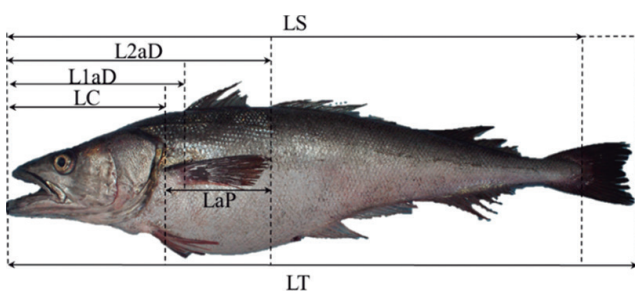


Figura 6.- Merluza. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud estándar (LS), longitud de la cabeza (LC), longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD), longitud a la 2ª aleta dorsal (L2aD), longitud de la aleta pectoral (LaP)

Familia Ophidiidae

Se tomó en cuenta 5 variables morfométricas: longitud total, longitud de la cabeza, longitud postorbital, longitud del hocico al margen postorbital, longitud del hocico al preopérculo (Fig. 7) y 1 carácter merístico: número de radios en la aleta dorsal (N°RaD). También se consideró la proporción de la longitud postorbital con la longitud del hocico al margen postorbital.

Familia Scorpaenidae

Se tomó en cuenta 6 caracteres morfométricos: longitud total, longitud estándar, longitud de la cabeza, longitud del hocico, longitud a la 1ª aleta dorsal, diámetro mayor del ojo (Fig. 8) y 7 caracteres merísticos: radios de la 1ª aleta dorsal (N°R1aD) y la 2ª aleta dorsal (N°R2aD); número de branquiespinas en la rama superior (N°BrS), centro (N°BC) y rama inferior (N°BrI) del primer arco branquial; número de radios de la aleta pectoral (N°RaP) y número de escamas en la línea lateral (N°ELL).

Familia Triglidae

Se midieron 5 variables morfométricas: longitud total, longitud estándar, longitud de la cabeza, longitud de la aleta pectoral, longitud de la 1ª espina dorsal (Fig. 9) y 2 caracteres merísticos: número de escamas sobre la línea lateral (N°ELL) y número de radios libres de la aleta pectoral (N°RlaP). Asimismo, se consideraron las proporciones: longitud de la aleta pectoral en longitud estándar y longitud de la 1ª espina dorsal en longitud estándar.

Familias Paralichthyidae y Bothidae

Para estas familias se tuvo en cuenta 8 variables morfométricas: longitud total, longitud estándar, longitud de la cabeza, ancho o altura del cuerpo, longitud de la aleta pectoral, longitud de la maxila, diámetro mayor del ojo, diámetro menor del ojo (Fig. 10) y 4 caracteres merísticos: número de radios de la aleta dorsal (N°RaD) y aleta anal (N°RaA), número de branquiespinas en la rama superior (N°BrS) y en la rama inferior (N°BrI) del primer arco branquial.

ANÁLISIS MOLECULAR

Extracción y amplificación de ADN

Las extracciones de ADN genómico se efectuaron utilizando los kits de QIAGEN y ROCHE®. Todas las extracciones fueron cuantificadas en un espectrofotómetro DeNovix considerando como condiciones adecuadas que las muestras presentaran índices de absorbancia 260/280 y 260/230 con valores entre 1,8 y 2,0. Las muestras fueron concentradas con calor hasta alcanzar mínimas concentraciones de 50 ng/ μ L y almacenadas a -20 °C hasta su amplificación.

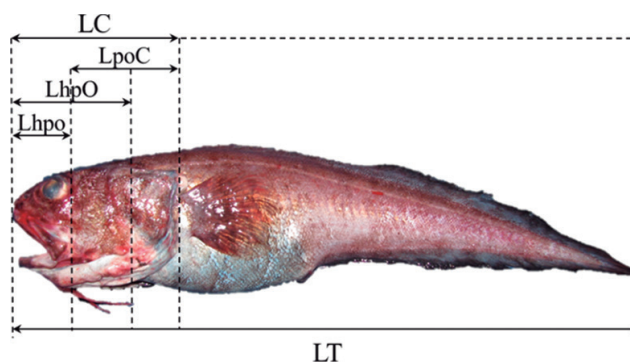


Figura 7.- Congrio negro. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud de la cabeza (LC), longitud postorbital (LpoC), longitud hocico al margen postorbital (Lhpo) y longitud hocico a preopérculo (LhpO)

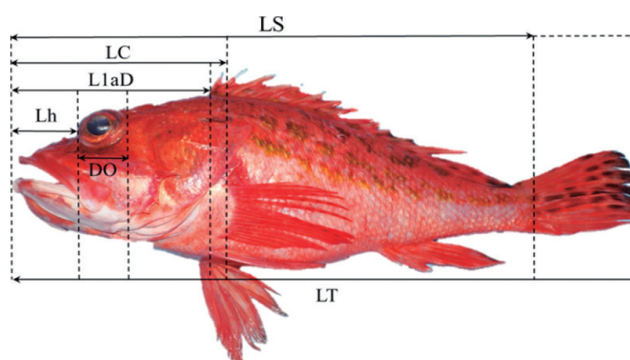


Figura 8.- Pez diablo. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud estándar (LS), longitud de la cabeza (LC), longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD), diámetro del ojo (DO) y longitud del hocico (Lh)

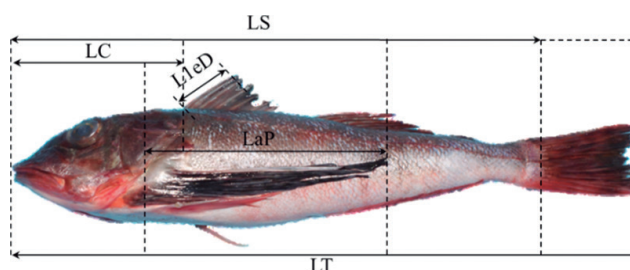


Figura 9.- Falso volador. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud estándar (LS), longitud de la cabeza (LC), longitud de la aleta pectoral (LaP) y longitud de la 1ª espina dorsal (L1eD)

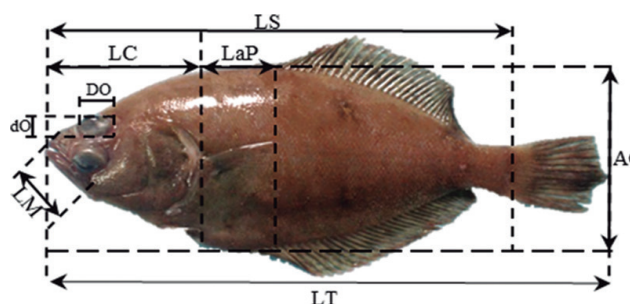


Figura 10.- Lengua. Caracteres morfométricos considerados en la identificación: Longitud total (LT), longitud estándar (LS), longitud de la cabeza (LC), ancho o altura del cuerpo (AC), longitud de la aleta pectoral (LaP), longitud de la maxila (LM), diámetro mayor (DO) y diámetro menor del ojo (dO)

La amplificación parcial del extremo 5' del gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I (COI) del ADN mitocondrial, propuesta para el análisis del código de barras de ADN, se realizó en volúmenes de reacciones de 12,5 µL, teniendo en cuenta concentraciones finales de 1X buffer de PCR, 0,2 mM dNTPs, 0,025 µM primer, 0,0625 µL Taq polimerasa, 0,5-1 µL de ADN molde. Se utilizaron los cebadores para peces VF2t1, FishF2t1, FishR2t1, FR1dt1 descritos por IVANOVA *et al.* (2007). El programa de amplificación consistió en una denaturación inicial de 94 °C por minuto, seguido de 35 ciclos de 94 °C por 30 segundos de denaturación, 52 °C por 40 segundos de hibridación y 72 °C por 1 minuto de extensión; con una extensión final de 72 °C por 10 minutos.

Todos los amplificados fueron evaluados mediante electroforesis en un gel de agarosa al 1%, utilizando un buffer TBE 1X y la tinción con GelRed para su revelado (Fig. 11). Los amplificados fueron purificados utilizando el kit de High Pure Product Purification ROCHE® y cuantificados en un espectrofotómetro de microvolúmenes DeNovix. Todas las muestras fueron llevadas a concentraciones de 10 a 20 ng/µL.

ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO

Las muestras fueron enviadas a la empresa McLab (EE.UU.) para el secuenciamiento de ambas hebras

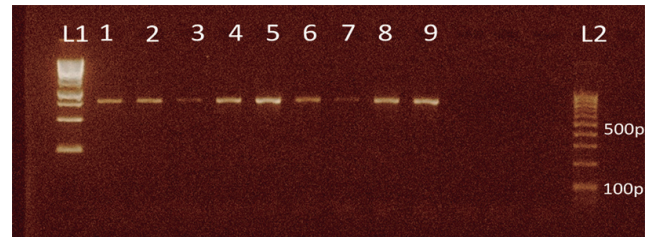


Figura 11.- Gel de agarosa de amplificados de la región 5' del gen COI. L1= marcador de tamaño molecular 1kb, L2 = marcador de tamaño molecular 100pb, 1-9=amplificados de 700-800pb

(sentido y antisentido) del ADN amplificado, utilizando los cebadores M13F y M3R (MESSING 1983) en un secuenciador ABI 3730XL. Los electroferogramas de las secuencias de cada hebra fueron editados visualmente utilizando el programa Chromas Lite versión 2.1. Se obtuvieron secuencias consenso para cada muestra utilizando el programa ClustalW (LARKIN *et al.* 2007). Asimismo, secuencias con longitudes aproximadas de 658 pb (pares de bases) las cuales fueron comparadas con las bases de datos del BOLD Systems (<http://boldsystems.org>) y la herramienta del BLASTn del NCBI-EMBL (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>). Todas las secuencias nucleotídicas y sus respectivos electroferogramas fueron incorporados a la base de datos BOLD Systems en el proyecto Barcoding Marine Fishes of Peru - IMARPE del iBOL, con el código FISHP (Fig. 12).

IDENTIFIERS
 Sample ID: BG-68-MARPE
 Process ID: FISHP103-15
 Identification: *Perilus paru*

COI-5P

SEQUENCE DATA
 Genbank Accession:
 Translation Matrix: Vertebrate Mitochondrial
 Last Updated: 2015-06-08
 Clear Sequence Edit Sequence

NUCLEOTIDE SEQUENCE
 Sequence: 674 bp
 GTATTGGCTCATGGGCTGGAAAGTAGGACAGCCCTAAGCCCTGCTCATCCGAGCTGAA
 CTAACCAACCCAGGCGCCCTCTTGGGAGACAGCAGATTATAATGTAATTTGCAAGGCA
 CATGCCCTTGTAAATATCTCTTATAGTAATGCCGATTATAATGGAGGTTTTGGAAAC
 TGGTAATCCCTTAAATTAATGGTCCCTGATAGGATTTCTCCGAAATAAATACATG
 AGCTTCTGACTTCTCCGCGCTCTTCTCTACTGCTTAGCCCTTCCGAGGTTGAGGCA
 GGCCGCGAGACTGGCTGAGAGCTTATCCGCAATAGCTGGTAACCTAGCCAGCCAGCTGGA
 GCAATTTTGGTAACTATTTCTCTTCAATTTGGAGGAAATTTCTCTCAATCTAGGG
 GCTATTAATTTGATCAGACCAATTAATAGCATGAAAGCTGAGCTATTTCTCAATATCA
 AGACCTTATTCCTTAGGCGCTTAAATAGCTGCTCTCTCCCTCTCTGATCAACA
 GTCCCTGCTGGGATTAACAATCTCTACAGAGCCGAACTTAAATACAGACCTCTT
 GACCTGCGGGTGGAGGAGCCCATCTTATCAGACCACTTCTGATTTCTGGGACAC
 CTTGAAATGTCATA

AMINO ACID SEQUENCE
 Sequence: 240 residues
 VFGMAAGMVTALSLIPRAELAQDGLDQDIYVIVTAHAFVMIFFMMPIMIGGFGN
 WLIPIMIGAPINAFPNHNSFWLLPFSLLLSAGSVEAGAGIHWVPLAGNLAGAG
 ASVLTTFSEHLAGSFLGAFNFITITINGGSAISGVQVTFYWAATLAVLLESLP
 VLAAGITMLLTDRLNLTFFDFAGGSDPILVQHLFWFFRDEVSX

ILLUSTRATIVE BARCODE
 0 199
 200 399
 400 599
 600 673

SEQUENCING RUNS: MCLAB

Run Date	Direction	Trace File	Seq Primer	Quality
2015-03-30	Reverse	167-3_M13R_B02.ab1	M13R	high
2015-04-06	Forward	167-3_M13F_B11.ab1	M13F	high

ANNOTATION
 Add Tags & Comments Comments: 0 Associated Tags: No Tags

Figura 12.- Ejemplo del registro de secuencias nucleotídicas en la base de datos del iBOL (BOLD Systems) en el proyecto Barcoding Marine Fishes of Peru -IMARPE del iBOL, con el código FISHP, para la obtención del código de barras de ADN

Además, se realizó un alineamiento múltiple de las secuencias donde se tomaron otras especies emparentadas, extraídas del GenBank, para construir un árbol Neighbour-Joining (NJ) utilizando el modelo de sustitución nucleotídica Kimura-2-parámetros (K2P) con un remuestreo (bootstrap) de 5.000 réplicas para la evaluación de la consistencia del árbol con el programa MEGA6 (Tamura *et al.* 2013). La totalidad de secuencias obtenidas en este estudio fueron incorporadas a la base de datos del iBOL, generándose los números de código de registro y los códigos de barras correspondientes.

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Cephalurus cephalus (Gilbert, 1892) "tiburón renacuajo" (Fig. 13)

Análisis morfométrico y merístico.- En la Tabla 4 se indican los valores de los caracteres morfométricos de los ejemplares de *C. cephalus*, el promedio, la desviación estándar y el coeficiente de variación.

Análisis molecular

Se analizaron 6 individuos obteniendo secuencias nucleotídicas de 658 pb para la mayoría de los casos, con un contenido C+G de 42,15%. Luego del alineamiento múltiple de secuencias se identificaron 6 haplotipos, con 7 sitios polimórficos, de los cuales 3 fueron parsimonia informativos (Tabla 5). Se identificó molecularmente a los organismos hasta el nivel de clase Elasmobranchii, debido a la ausencia de información para la especie en las bases de datos BOLD y GenBank (Tabla 6). El análisis de agrupamiento se realizó incluyendo otras secuencias nucleotídicas de la misma clase obtenidas del GenBank. Todos los especímenes colectados en este estudio formaron un solo clado con una robustez del 100% de bootstrap (Fig. 14). Se determinó una distancia genética intraespecífica de 0% e interespecífica entre 3 y 3,59%. Las secuencias incorporadas en el iBOL se encuentran registradas con los DNA Barcodes FISHP038-15 a FISHP042-15 y FISHP045-15 (Tabla 7), siendo estos los primeros registros para la especie ingresados en el BOLD.

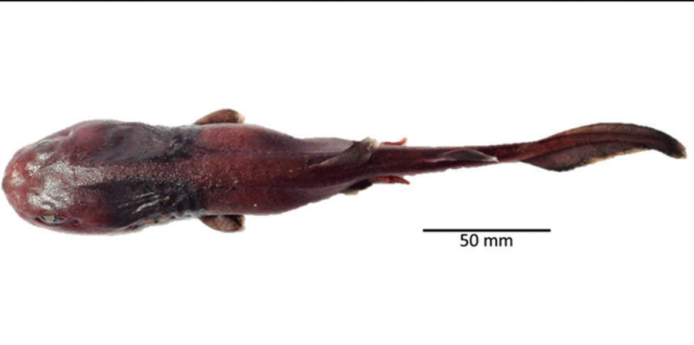
Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Elasmobranchii	
Orden : Carcharhiniformes	
Familia : Pentanchidae	
Género : <i>Cephalurus</i>	
Especie : <i>Cephalurus cephalus</i> (Gilbert, 1892)	
Código Colección Científica: IMARPE 015843 , IMARPE 015844, IMARPE 015845, IMARPE 015846, IMARPE 015847, IMARPE 015848	

Figura 13.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de los ejemplares de *Cephalurus cephalus*

Tabla 4.- Caracteres morfométricos de los ejemplares de *Cephalurus cephalus*

Medición	Código de espécimen						Número de ejemplares (N=6)			
	BG-19	BG-20	BG-21	BG-22	BG-23	BG-24	Rango	Promedio	DS	Var
Longitud total (LT) (mm)	192	223	242	226	212	203	192 - 242	216,3	17,8	35,6
Longitud prepectoral (LpP) (mm)	52	63	69	63	60	52	52 - 69	59,8	6,7	13,5
Longitud preorbital (Lpo) (mm)	14	17	11	11	10	10	10 - 17	12,2	2,8	5,6
Longitud del hocico (Lh) (mm)	5	10	10	8	11	7	5 - 11	8,5	2,3	4,5
Anchura de la boca (AB) (mm)	23	24	22	23	19	20	19 - 24	21,8	1,9	3,9
Longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD) (mm)	79	92	113	93	92	86	79 - 113	92,5	11,4	22,7
Longitud a la 2ª aleta dorsal (L2aD) (mm)	111	132	144	128	124	119	111 - 144	126,3	11,3	22,7
Espacio interdorsal (EiD) (mm)	14	17	14	19	15	17	14 - 19	16,0	2,0	4,0
Espacio entre la aleta pectoral y pelvica (EaPPe) (mm)	29	28	30	30	27	24	24 - 30	28	2,3	4,6

Tabla 5.- Posiciones nucleotídicas de los sitios polimórficos identificados en 615 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Cephalurus cephalus* (BG-19-IMARPE a BG- 24-IMARPE). (•) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de secuencia	Posición nucleotídica							
	93	213	231	246	336	411	522	597
BG - 24 - IMARPE	C	T	G	T	T	T	C	C
BG - 23 - IMARPE	•	•	A	C	C	C	T	•
BG - 22 - IMARPE	•	•	•	C	•	C	•	•
BG - 21 - IMARPE	•	C	A	C	C	C	T	•
BG - 20 - IMARPE	T	•	A	C	C	C	T	•
BG - 19 - IMARPE	•	•	•	C	•	C	•	T

Tabla.6.- Porcentajes de identidad o similitud de los mejores hits obtenidos de la comparación de BG-19-IMARPE a BG-24-IMARPE con las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera que corresponde a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%.

T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

# Código colecta	BOLD Systems			GenBank - NCBI				
	Clase (% S)	Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)	E-value	Número de Accesoión
1 BG - 19 - IMARPE	Elasmobranchii (97)	no hay referencia	Figaro boardmani*	Figaro boardmani*	92*	93	0	EU398791
2 BG - 20 - IMARPE	Elasmobranchii (97)	no hay referencia	Figaro boardmani*	Figaro boardmani*	92*	93	0	EU398791
3 BG - 21 - IMARPE	Elasmobranchii (97)	no hay referencia	Figaro boardmani*	Figaro boardmani*	92*	93	0	EU398791
4 BG - 22 - IMARPE	Elasmobranchii (97)	no hay referencia	Figaro boardmani*	Figaro boardmani*	92*	93	0	EU398791
5 BG - 23 - IMARPE	Elasmobranchii (97)	no hay referencia	Figaro boardmani*	Figaro boardmani*	92*	93	0	EU398791
6 BG - 24 - IMARPE	Elasmobranchii (97)	no hay referencia	Figaro boardmani*	Figaro boardmani*	92*	93	0	EU398791

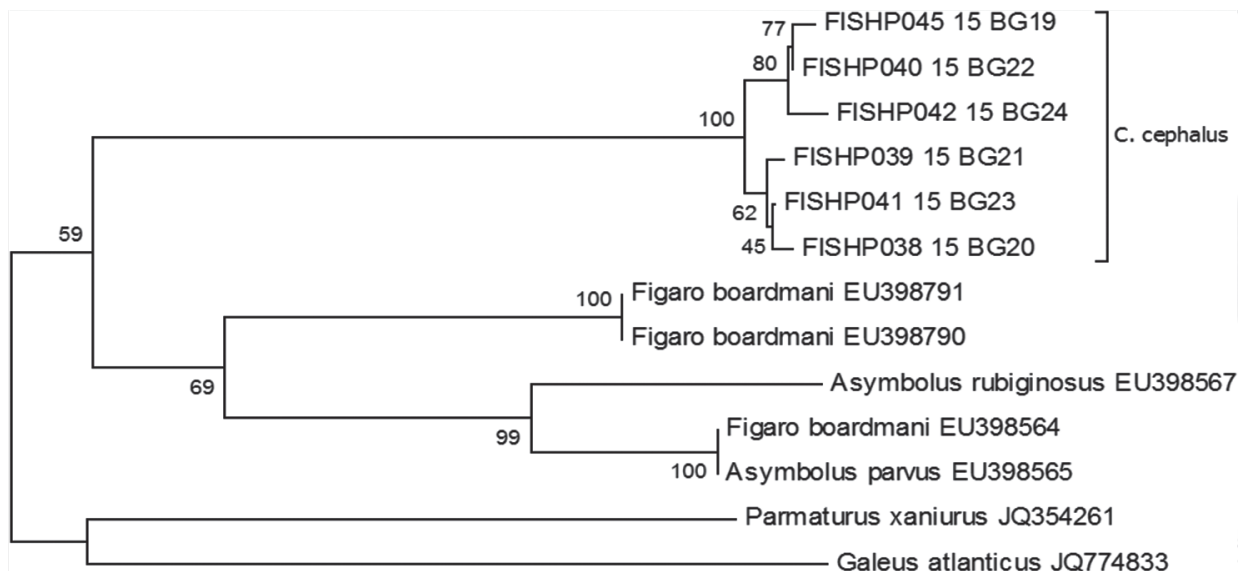


Figura 14.- Árbol NJ basado en las secuencias de gen COI de *Cephalurus cephalus* (BG-19 a BG-24) incluyendo otras secuencias obtenidas del GenBank

Tabla 7.- Códigos de identificación de las muestras de *Cephalurus cephalus* (BG-19 a BG-24), incorporadas en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
BG-19-IMARPE	A (159) G (106) C (171) T (222)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCCTTACTTGATTTTGGTGCATGAGCAGGAATAGTTGGAA-CAGCTTTAAGTTACTAATTGCGCGTGAATTAGGTCAGCCTGG-GTCCCTTTAGGAGATGATCAGATTTACAATGCTTGTAAACC-GCCCATGCCCTTGTAAATAATCTTTTATAGTTATACCAATCATA-ATTGGTGGCTTTGGAAACTGACTTGTTCCTTAAATAATTGGTG-CACCAGACATAGCCTTCCCGAATAAATAATATAGGCTTCF-GACTCCTCCCCCTTCTTCTACTTCTTAGCTTCCGAGGA-GTAGAAGCTGGGGGGGAACCGGATGAACCTTTATCCTCTT-TATCTGGGAATAGCACACGGGGCCCTCCGTTGATTAGCTA-TTTTTCCCTTCATTAGCCGGTATTCATCCATCTAGCCTCAAT-CAATTTATCACAACCATTAATAATAAAAACCCAGCCATCTCT-CAATATCAAACCCCTTATTGTTGATCAATTCTGTTACCAC-TGCTTCTCTCCTTCCCTCCCTGTTCTGCAGCAGGAATTACAA-TATTACTACAGACCGTAACTCAACACCACATTCTTGATCCG-CAGCGGAGGAGACCAATCCTTTATCAACACCTATT</p>		FISHP 045-15
BG-20-IMARPE	A (160) G (105) C (171) T (222)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCCTTACTTGATTTTGGTGCATGAGCAGGAATAGTTGGAA-CAGCTTTAAGTTACTAATTGCGCGTGAATTAGGTCAGCCTGG-GTCCCTTTAGGAGATGATCAGATTTACAATGCTTGTAAACC-GCCCATGCCCTTGTAAATAATCTTTTATAGTTATACCAATCATA-ATTGGTGGCTTTGGAAACTGACTTGTTCCTTAAATAATTGGTG-CACCAGACATAGCCTTCCCGAATAAATAATATAGGCTTCF-GACTCCTCCCCCTTCTTCTACTTCTTAGCTTCCGAGGA-GTAGAAGCTGGGGGGGAACCGGATGAACCTTTATCCTCTT-TATCTGGGAATAGCACACGGGGCCCTCCGTTGATTAGCTA-TTTTTCCCTTCATTAGCCGGTATTCATCCATCTAGCCTCAAT-CAATTTATCACAACCATTAATAATAAAAACCCAGCCATCTCT-CAATATCAAACCCCTTATTGTTGATCAATTCTGTTACCAC-TGCTTCTCTCCTTCCCTCCCTGTTCTGCAGCAGGAATTACAA-TATTACTACAGACCGTAACTCAACACCACATTCTTGATCCG-CAGCGGAGGAGACCAATCCTTTATCAACACCTATT</p>		FISHP 038-15
BG-21-IMARPE	A (160) G (108) C (169) T (214)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 651 pb</p> <p>CACAAAGACATTGGCACCCCTTACTTGATTTTGGTGCATGAGCA-GGAATAGTTGGAACAGCTTAAAGTTTACTAATTGCGCGTGAATTA-GGTCAGCCTGGGTCCTTTAGGAGATGATCAGATTTACAATGT-GCTTGTAAACCGCCCATGCCCTTGTAAATAATCTTTTATAGTTATAC-CAATCATAAATGGTGGCTTTGGAAACTGACTTGTTCCTTAAATAA-TTGGTGACACAGACATAGCCTTCCCGAATAAATAATATAGG-CCTGACTCCTCCCCCTTCTTCTACTTCTTAGCTTCCGAGGA-GTAGAAGCTGGGGGGGAACCGGATGAACCTTTATCCTCTT-TTATCTGGGAATAGCACACGGGGCCCTCCGTTGATTAGCTA-GCTATTTTTCCCTTCATTAGCCGGTATTCATCCATCTAGCCT-CAATCATTATCACAACCATTAATAATAAAAACCCAGCCATCTCT-CAATATCAAACCCCTTATTGTTGATCAATTCTGTTACCAC-TGCTTCTCTCCTTCCCTCCCTGTTCTGCAGCAGGAATTACAA-TATTACTACAGACCGTAACTCAACACCACATTCTTGATCCG-CAGCGGAGGAGACCAATCCTTTATCAACACCTATT</p>		FISHP 039-15
BG-22-IMARPE	A (159) G (106) C (172) T (221)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658 pb</p> <p>CACCCCTTACTTGATTTTGGTGCATGAGCAGGAATAGTTGGAA-CAGCTTTAAGTTACTAATTGCGCGTGAATTAGGTCAGCCTGG-GTCCCTTTAGGAGATGATCAGATTTACAATGCTTGTAAACC-GCCCATGCCCTTGTAAATAATCTTTTATAGTTATACCAATCATA-ATTGGTGGCTTTGGAAACTGACTTGTTCCTTAAATAATTGGTG-CACCAGACATAGCCTTCCCGAATAAATAATATAGGCTTCF-GACTCCTCCCCCTTCTTCTACTTCTTAGCTTCCGAGGA-GTAGAAGCTGGGGGGGAACCGGATGAACCTTTATCCTCTT-TATCTGGGAATAGCACACGGGGCCCTCCGTTGATTAGCTA-TTTTTCCCTTCATTAGCCGGTATTCATCCATCTAGCCTCAAT-CAATTTATCACAACCATTAATAATAAAAACCCAGCCATCTCT-CAATATCAAACCCCTTATTGTTGATCAATTCTGTTACCAC-TGCTTCTCTCCTTCCCTCCCTGTTCTGCAGCAGGAATTACAA-TATTACTACAGACCGTAACTCAACACCACATTCTTGATCCG-CAGCGGAGGAGACCAATCCTTTATCAACACCTATT</p>		FISHP 040-15
BG-23-IMARPE	A (160) G (105) C (172) T (221)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658 pb</p> <p>CACCCCTTACTTGATTTTGGTGCATGAGCAGGAATAGTTGGAA-CAGCTTTAAGTTACTAATTGCGCGTGAATTAGGTCAGCCTGG-GTCCCTTTAGGAGATGATCAGATTTACAATGCTTGTAAACC-GCCCATGCCCTTGTAAATAATCTTTTATAGTTATACCAATCATA-ATTGGTGGCTTTGGAAACTGACTTGTTCCTTAAATAATTGGTG-CACCAGACATAGCCTTCCCGAATAAATAATATAGGCTTCF-GACTCCTCCCCCTTCTTCTACTTCTTAGCTTCCGAGGA-GTAGAAGCTGGGGGGGAACCGGATGAACCTTTATCCTCTT-TATCTGGGAATAGCACACGGGGCCCTCCGTTGATTAGCTA-TTTTTCCCTTCATTAGCCGGTATTCATCCATCTAGCCTCAAT-CAATTTATCACAACCATTAATAATAAAAACCCAGCCATCTCT-CAATATCAAACCCCTTATTGTTGATCAATTCTGTTACCAC-TGCTTCTCTCCTTCCCTCCCTGTTCTGCAGCAGGAATTACAA-TATTACTACAGACCGTAACTCAACACCACATTCTTGATCCG-CAGCGGAGGAGACCAATCCTTTATCAACACCTATT</p>		FISHP 041-15
BG-24-IMARPE	A (156) G (103) C (164) T (213)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 636 pb</p> <p>GCATGAGCAGGAATAGTTGGAACAGCTTAAAGTTTACTAATTCGG-CCTGAATTAGGTCAGCCTGGGTCCTTTAGGAGATGATCAGATT-TACAATGCTTGTAAACCGCCCATGCCCTTGTAAATAATCTTTTAT-AGTTATACCAATCATAATTGGTGGCTTTGGAAACTGACTTGTTCCT-TTAAATAATTGGTGACACAGACATAGCCTTCCCGAATAAATAA-ATATAGGCTTCTGACTCCTTCCCCCTTCTTCTACTTCTTAGC-TTCCGAGGAGTAGAAGCTGGGGGGGAACCGGATGAACCTGTT-TATCCTCTTATCTGGGAATAGCACACGGGGCCCTCCGTTGATTAG-CTTATAGCTAATTTTTCCCTTCATTAGCCGGTATTCATCCATCTA-GCTTCAATCAATTTATCACAACCATTAATAATAAAAACCCCA-GCCATCTCAATATCAAACCCCTTATTGTTGATCAATTCTGTT-TACCACCTGCTTCTCTCCTCCTGTTCTGCAGCAGGAATTACAA-TATTACTACAGACCGTAACTCAACACCACATTCTTGATCCG-CAGCGGAGGAGACCAATCCTTTATCAACACCTATT</p>		FISHP 042-15

Coelorinchus canus (Garman, 1899) "pez ratón" (Fig. 15)

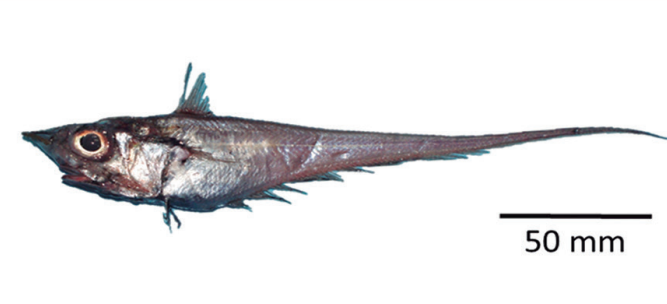
Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Gadiformes	
Familia : Macrouridae	
Género : <i>Coelorinchus</i>	
Especie : <i>Coelorinchus canus</i> (Garman, 1899)	
Código Colección Científica: IMARPE016290	

Figura 15.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE del ejemplar de *Coelorinchus canus*

Análisis morfométrico y merístico

Los caracteres morfométricos y merísticos se dan en la Tabla 8. La relación longitud del hocico en longitud de cabeza fue 3,3. No se registró presencia de branquiespinas en la rama superior (N°BrS), en la rama inferior (N°BrI) se encontraron 9 branquiespinas.

Análisis molecular

Se obtuvo una secuencia nucleotídica de 658 pb con contenido C+G de 48,93%. La comparación del haplotipo con las bases de datos solo permitió identificar al ejemplar de pertenecer a la Familia Macrouridae con 100% de similitud (BOLD) mostrando mayor semejanza con *Coelorinchus caelorhincus* (Risso, 1810) (BLAST-NCBI) (Tabla 9).

Luego del alineamiento múltiple de la secuencia obtenida con otras especies emparentadas, conseguidas del GenBank, mostró un bootstrap de 98% para el clado formado por el género *Coelorinchus* (Fig. 16). La secuencia incorporada en el

iBOL se encuentra registrada con el DNA Barcode FISHP046-15 (Tabla 10), siendo el primer registro de la especie en el BOLD.

Tabla 8.- Caracteres morfométricos y merísticos del ejemplar de *Coelorinchus canus*

Medición	Código de espécimen BG - 31
Longitud total (LT) (mm)	172
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	43
Longitud del hocico (Lh) (mm)	13
Longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD) (mm)	41
LC/Lh	3,3
N° de radios en la 1ª aleta dorsal (N°R1aD)	9
N° de radios de la aleta anal (N°RaA)	110
N° de branquiespinas en rama superior (N°BrS)	0
N° de branquiespinas en rama inferior (N°BrI)	9
N° de radios de la aleta pélvica (N°RaPe)	7
N° de radios branquiostegales (N°RB)	6

Tabla 9.- Porcentajes de identidad o similitud del mejor hit obtenido de la comparación entre BG-31-IMARPE con las secuencias de las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera que corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%.

T= tamaño de secuencia; S = Similitud, I = Identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

# Código colecta	BOLD Systems			GenBank - NCBI				Número de Acceso
	Familia (% S)	Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)	E - value	
1 BG 31 - IMARPE	Macrouridae (100)	No hay referencia		<i>Coelorinchus caelorhincus</i> *	86	94	0	JQ774516

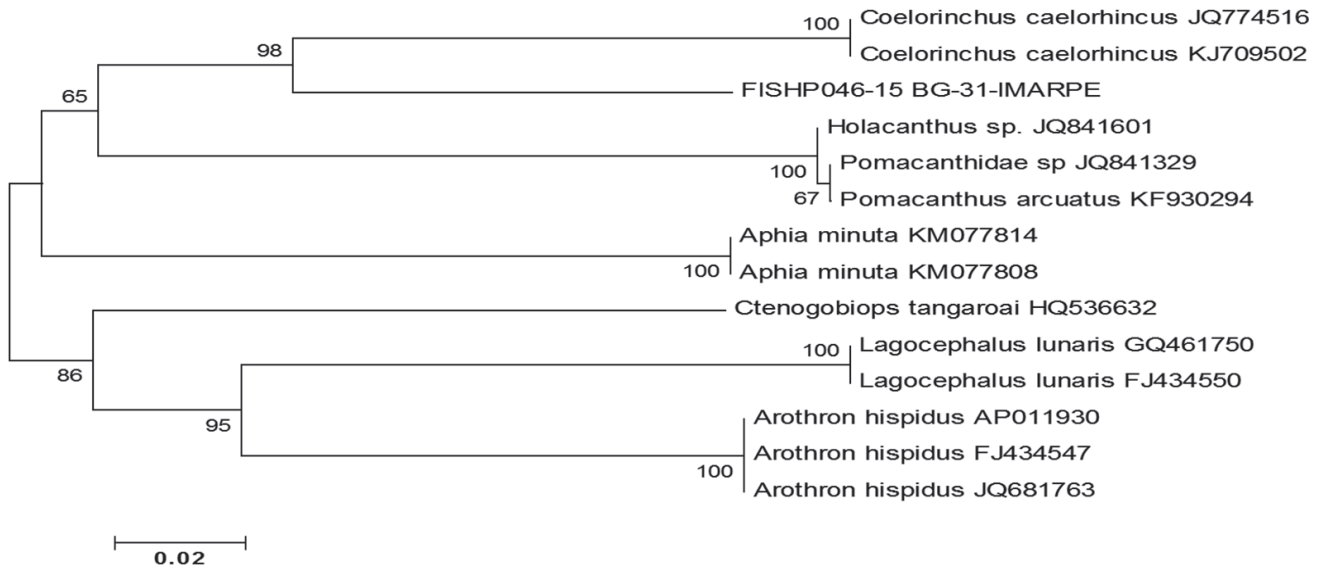


Figura 16.- Árbol NJ basado en las secuencias COI de *Coelorinchus canus* (BG-31), incluyendo otras secuencias de especies emparentadas obtenidas del GenBank

Tabla 10.- Códigos de identificación de *Coelorinchus canus* (BG-31) incorporados en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición núcleo tídica	Secuencia nucleotídica	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
BG-31-IMARPE	A (150) G(122) C (200) T (186)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACTCTATCTCGTATTGGCGCCTGGGCTGGAATAGT- GGGGACCGCCCTAAGTCTTCTTATTCGAGCCGAGCTCA- GTCAACCCGGAGCACTTCTGGGCGACGACCAGATTTA- TAATGTTATTGTACAGCACATGCATTGTAATAATTTTT- TTATGGTCATGCCCTAATAATCGGGGATTGGAAACT- GACTAGTCCCAATAATAATTGGAGCCCTGACATGGCCT- TTCTCGAATAAATAACATAAGCTTTTGACTCCTGCCCC- GTCCTTCTTCTCCTCAGCCTCCTCGGTATCGAAGCTG- GGGCCGGAACAGGATGAAGTGTACCCCTTAGCAA- GTAACCTCGCCACGAGGAGCATCCGTCGACCTGAC- CATTTTTCCCTCCACCTAGCCGGAATCTCTCAATTTG- GGGGCTATTAACCTTATCACCACATATTATTAATAAAAC- CACCCGCATCACCCAAATACCAAACCCCTATTGT- GTGGCCCTCTAATTACGGCAGTGTCTCTCTACTGT- CACTCCCGTACTGGCAGCCGGAATFACAATGCTTCTA- CAGATCGAAATCTAATACTTCTTCTTTCGACCCGCGG- GGGTGGTACCCATCCTTATCAACACCTGTIC		FISHP 046-15

***Physiculus nematopus* Gilbert, 1890 “carbonero de fango” (Fig. 17)**


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Gadiformes	
Familia : Moridae	
Género : <i>Physiculus</i>	
Especie : <i>Physiculus nematopus</i> (Gilbert, 1890)	
<p>Código Colección Científica: IMARPE 016293, IMARPE 016296, IMARPE 016294, IMARPE 016295, IMARPE 016291, IMARPE 016298, IMARPE 016297, IMARPE 016292</p>	

Figura 17.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de los ejemplares de *Physiculus nematopus*

Análisis morfométrico y merístico

En la Tabla 11 se indican los valores de los caracteres morfométricos, merísticos y proporciones de algunos caracteres.

La longitud de la aleta pélvica fue más corta que la longitud de la cabeza (excepto en BG-36) y según lo descrito por CHIRICHIGNO y VÉLEZ (1998) la aleta pélvica debe ser igual o más larga que la cabeza para *P. nematopus*. Considerando los criterios descritos por los autores estos valores corresponden a *P. rastrelliger* cuya descripción indica que la especie tiene longitud de cabeza (LC) menos de 4,5 veces en la longitud estándar (LS) (en este caso, promedio= 4,1 veces), las aletas pélvicas (LaPe) son más cortas que la cabeza (LC) y están más de 3,5 veces en la longitud estándar (LS) (en este caso los 8 ejemplares muestran de 4 a 6,1

veces, promedio= 4,8), mientras que para *P. nematopus* se indica una proporción de 3 a 3,5 veces.

El número de radios de la aleta pectoral fue de 20 a 27 y de acuerdo a lo descrito por CHIRICHIGNO y VÉLEZ (1998) estos valores deben oscilar entre 20 y 23 radios para *P. nematopus*. Los ojos están de 3,3 a 3,7 veces (promedio = 3,6) en la cabeza, siendo concordante con lo descrito excepto en BG-36 y BG-40. El número de branquiespinas en la rama inferior del 1^{er} arco branquial osciló entre 10 y 14 (Tabla 11). El número total de branquiespinas en ambas ramas (superior e inferior) osciló entre 15 – 19 y de acuerdo a lo descrito por CHIRICHIGNO y VÉLEZ (1998) correspondería a *P. talarae*. Finalmente, la longitud de la aleta pélvica no sobrepasa el 7^o radio de la aleta anal (excepto en los ejemplares BG-38, BG-39 y BG-40) (Tabla 11).

Tabla 11.- Caracteres morfométricos, merísticos y proporciones de los ejemplares de *Physiculus nematopus*

Medición	Código de espécimen								Número de ejemplares (N=8)			
	BG-33	BG-34	BG-35	BG-36	BG-37	BG-38	BG-39	BG-40	Rango	Promedio	DS	Var
Longitud total (LT) (mm)	207	170	164	159	169	181	160	163	159 - 207	171,6	15,9	31,9
Longitud estándar (LS) (mm)	190	153	148	144	155	163	145	149	144 - 190	155,9	15,1	30,2
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	48	35	36	34	36	40	37	36	34 - 48	37,8	4,5	9,0
Longitud de la aleta pélvica (LaPe) (mm)	31	31	34	36	29	36	33	32	29 - 36	32,8	2,5	5,0
Longitud de la aleta pectoral (LaP) (mm)	33	27	25	24	27	29	25	27	24 - 33	27,1	2,9	5,7
Longitud del hocico (Lh) (mm)	12	10	8	9	7	8	8	7	7 - 10	8,6	1,7	3,4
Diámetro mayor del ojo (DO) (mm)	13	10	10	10	10	11	10	11	10 - 13	10,6	1,1	2,1
Longitud a la 1 ^a aleta dorsal (L1aD) (mm)	59	44	42	40	45	49	42	44	40 - 59	45,6	6,0	12,0
LS/LaPe	6,1	4,9	4,4	4,0	5,3	4,5	4,4	4,7	4,0 - 6,1	4,8	0,7	1,3
LC/DO	3,7	3,5	3,6	3,4	3,6	3,6	3,7	3,3	3,3 - 3,7	3,6	0,1	0,3
LS/LC	4,0	4,4	4,1	4,2	4,3	4,1	3,9	4,1	3,9 - 4,4	4,1	0,2	0,3
N° de radios de la aleta pectoral (N°RaP)	27	22	20	24	21	23	23	22	20 - 27	23	2,1	4,2
N° de branquiespinas en rama superior (N°BrS)	5	6	5	4	5	5	5	5	4 - 6	5	0,5	1,1
N° de branquiespinas en rama inferior (N°BrI)	11	12	12	14	10	12	14	12	10 - 14	12	1,4	2,7
A. pélvica sobrepasa el 7° radio de A. anal*	0	0	0	0	0	1	1	1	-	-	-	-

(*): 0 = no sobrepasa; 1 = sobrepasa

Análisis molecular

Se analizaron 8 individuos obteniendo secuencias nucleotídicas entre 610 y 658 pb con C+G de 44,6%, y cada ejemplar presentó un haplotipo diferente. Se identificaron 7 sitios polimórficos y ninguna parsimonia informativa (Tabla 12). Molecularmente se logró identificar a la especie con 99% de identidad como *Physiculus nematopus* con las reportadas en el BOLD y como *P. rastrelliger* en el GenBank (Tabla 13).

A partir del dendograma construido se observó una separación adecuada de la especie respecto a otras del mismo género formando un clado con robustez del 100% (Fig. 18). Las secuencias incorporadas al iBOL poseen los DNA Barcode FISHP047-15 a FISHP051-15 y FISHP070-15 a FISHP072-15 (Tabla 14).

Tabla 12.- Posiciones nucleotídicas de los sitios identificados en 591 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Physiculus nematopus* (BG-33-IMARPE a BG-40-IMARPE). (●) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de Secuencia	Posición nucleotídica						
	34	88	121	319	412	445	493
BG-33-IMARPE	T	A	C	C	G	G	G
BG-34-IMARPE	●	●	●	T	A	●	T
BG-35-IMARPE	●	●	●	T	●	●	●
BG-36-IMARPE	●	G	●	T	●	●	●
BG-37-IMARPE	●	●	●	T	●	●	●
BG-38-IMARPE	●	●	●	T	●	A	●
BG-39-IMARPE	C	●	T	T	●	●	●
BG-40-IMARPE	●	●	●	T	●	●	●

Tabla 13.- Porcentajes de identidad o similitud de los mayores hits obtenidos de la comparación entre las secuencias nucleotídicas BG-33 a BG-40 con las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura

#	Código colecta	BOLD Systems			GenBank-NCBI					
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)	E-value	Número de Accesoión		
1	BG-33-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,34	<i>P. rastrelliger</i>	99	95	0	KF918891
2	BG-34-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,18	<i>P. rastrelliger</i>	99	100	0	KF918891
3	BG-35-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,38	<i>P. rastrelliger</i>	99	93	0	KF918891
4	BG-36-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,54	<i>P. rastrelliger</i>	99	93	0	KF918891
5	BG-37-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,38	<i>P. rastrelliger</i>	99	94	0	KF918891
6	BG-38-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,23	<i>P. rastrelliger</i>	99	93	0	KF918891
7	BG-39-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,07	<i>P. rastrelliger</i>	99	93	0	KF918891
8	BG-40-IMARPE	<i>Physiculus</i>	(100)	<i>P. rastrelliger</i>	99,38	<i>P. rastrelliger</i>	99	93	0	KF918891

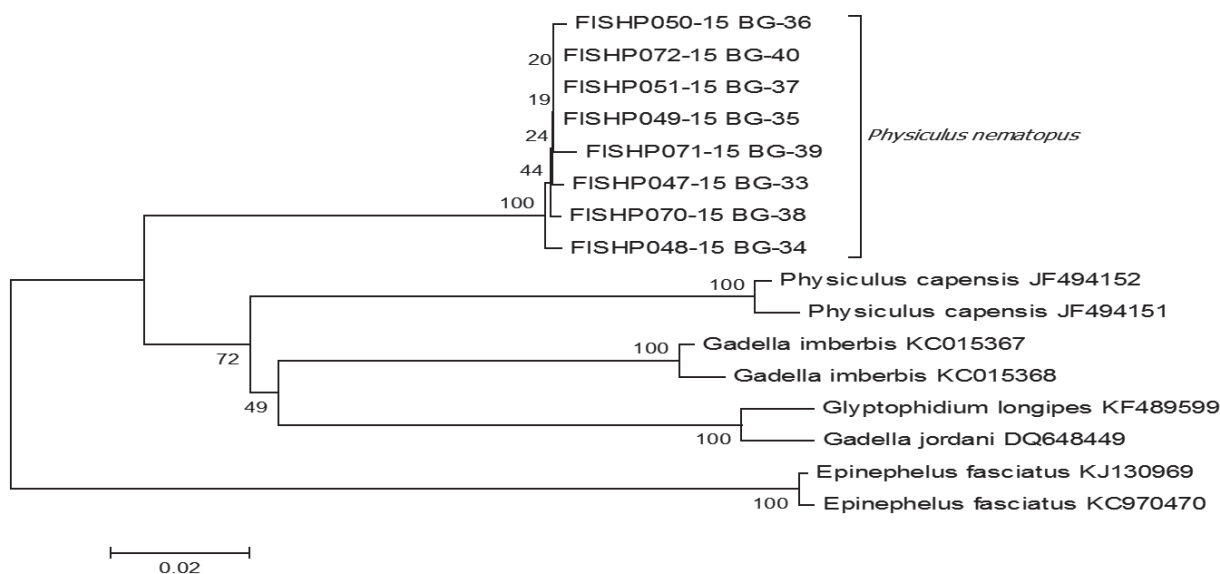


Figura 18.- Árbol de distancias NJ de las secuencias de mtDNA COI de *Physiculus nematopus* (BG-33 a BG-40) e incluyendo otra secuencias obtenidas de la base de datos NCBI

Tabla 14.- Código de muestras de *Physiculus nematopus* (BG-33-IMARPE a BG-40-IMARPE) colectadas e incorporadas en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
BG-33-IMARPE	A (154) G (107) C (166) T (187)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 614pb CACCCTTATTTTATTTTGGTGCCTGAGCAGGCATGG-TAGGAACCGCTCTGAGTCTTCTGATCCGAGCCGAGT-TAAGCAACCCGGAGCCCTTTTCGGTGACGACCAA-TTATAATGTAATCGTCACGGCACATGCTTTCGTAATA-ATTTTCTCATAGTAATGCCAGTAATAATTGGAGGGTT-CGGAACTGACTAGTCCCACTAATAATTGGAGCCCC-GACATAGCCTTCCACGATAATAATAAAGTCTTCT-GACTCTCCACCATCATTCTGCTTCTCTCGCTC-TTCAGGTGTAGAAGCAGGAGCGGGGAAGGAT-GAATGTTTACCCTCTTAGCAGGAAACCTAGCCCA-CGCAGGTGCCTCTGAGACTTAAACCTCTTCTCCCT-GCATTAGCAGGAATTTCTCAATTCTCGGGCAAT-TAACTTTATTAACAATTATTAATATGAAACCACCT-GCTGTTTACAATACCAACACCCCTATTGTCTGATC-GGTAATAATTACAGTATCTTCTCTTATCGCTTCC-CGTTTACCGCCGGTATTACAATGCTTCTTACAGACC-GTAATCTAAATACTTCTTCTCG		FISHP 047-15
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 610pb TGCCTGAGCAGGCATGGTAGGAACCGCTCTGAGTC-TTTCGGTGACGACCAAATTTATAATGTAATCGTAC-GGCACATGCTTTCGTAATAATTCTTCTCATGATAATGC-CAGTAATAATTGGAGGGTTTCGAAACTGACTAGTCC-CACTAATAATTGGAGCCCGGACATAGCCTTCCAC-GAATAATAATATAAGCTTCTGACTCTCCACCATCA-TTCTGCTTCTCCTCGCTCTTAGGTTGAGAAGCAG-GAGCGGGACAGGATGAAGTGTATCCCTCTTAG-CAGGAAACCTAGCCACGCAAGTGCCTCTGTAGAC-TTAACTTCTTCTCCCTGATTTAGCAGGAATTTCTC-CAATTCTCGGAGCAATTAACCTTTATTAACAATTA-TTAATATGAAACCACCTGCTTCTTACAATACCAAA-CACCCCTATTGTCTGATCTGACTAATTACAGTATCC-TTCTTCTTATCGCTTCCGTTTACCGCCGGTATTA-CAATGCTTCTTACAGCCGTAATCTAAATACTTCTT-TCGACCCCGCGGAGGAGGA		FISHP 048-15
BG-35-IMARPE	A (165) G (116) C (182) T (195)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTTATTTTATTTTGGTGCCTGAGCAGGCATG-GTAGGAACCGCTCTGAGTCTTCTGATCCGAGCCGAG-TTAAGCAACCCGGAGCCCTTTTCGGTGACGACCAA-ATTTATAATGTAATCGTCACGGCACATGCTTTCGTA-ATAATTTCTCATAGTAATGCCAGTAATAATTGGAG-GGTTCCGAAACTGACTAGTCCCACTAATAATTGGA-GCCCCGACATAGCCTTCCACGATAATAATAATAA-GCTTCTGACTCTCCACCATCATTCTGCTTCTCTC-CCCTTTCAGGTGTAGAAGCAGGAGCGGGGACAG-GATGAACGTTTATCCTCTTAGCAGGAAACCTAGCC-CACGAGGTGCCTCTGTAGACTTAAACCTTCTCCCT-GCATTAGCAGGAATTTCTCAATTCTCGGGCAAT-TAACTTTATTAACAATTATTAATATGAAACCACCT-GCTGTTTACAATACCAACACCCCTATTGTCTGATC-GGTAATAATTACAGTATCTTCTTCTTATCGCTTCC-CGTTTACCGCCGGTATTACAATGCTTCTTACAGACC-GTAATCTAAATACTTCTTCTCGACCCCGCGGAGGA-GGAGACCCCATCTATACCAACTTGTTC		FISHP 049-15
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTTATTTTATTTTGGTGCCTGAGCAGGCATG-GTAGGAACCGCTCTGAGTCTTCTGATCCGAGCCGAG-TTAAGCAACCCGGAGCCCTTTTCGGTGACGACCAA-ATTTATAATGTAATCGTCACGGCACATGCTTTCGTA-ATAATTTCTCATAGTAATGCCAGTAATAATTGGAG-GGTTCCGAAACTGACTAGTCCCACTAATAATTGGA-GCCCCGACATAGCCTTCCACGATAATAATAATAA-GCTTCTGACTCTCCACCATCATTCTGCTTCTCTC-CCCTTTCAGGTGTAGAAGCAGGAGCGGGGACAG-GATGAACGTTTATCCTCTTAGCAGGAAACCTAGCC-CACGAGGTGCCTCTGTAGACTTAAACCTTCTCCCT-GCATTAGCAGGAATTTCTCAATTCTCGGGCAAT-TAACTTTATTAACAATTATTAATATGAAACCACCT-GCTGTTTACAATACCAACACCCCTATTGTCTGATC-GGTAATAATTACAGTATCTTCTTCTTATCGCTTCC-CGTTTACCGCCGGTATTACAATGCTTCTTACAGACC-GTAATCTAAATACTTCTTCTCGACCCCGCGGAGGA-GGAGACCCCATCTATACCAACTTGTTC		FISHP 050-15
BG-37-IMARPE	A (165) G (116) C (182) T (195)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTTATTTTATTTTGGTGCCTGAGCAGGCATG-GTAGGAACCGCTCTGAGTCTTCTGATCCGAGCCGAG-TTAAGCAACCCGGAGCCCTTTTCGGTGACGACCAA-ATTTATAATGTAATCGTCACGGCACATGCTTTCGTA-ATAATTTCTCATAGTAATGCCAGTAATAATTGGAG-GGTTCCGAAACTGACTAGTCCCACTAATAATTGGA-GCCCCGACATAGCCTTCCACGATAATAATAATAA-GCTTCTGACTCTCCACCATCATTCTGCTTCTCTC-CCCTTTCAGGTGTAGAAGCAGGAGCGGGGACAG-GATGAACGTTTATCCTCTTAGCAGGAAACCTAGCC-CACGAGGTGCCTCTGTAGACTTAAACCTTCTCCCT-GCATTAGCAGGAATTTCTCAATTCTCGGGCAAT-TAACTTTATTAACAATTATTAATATGAAACCACCT-GCTGTTTACAATACCAACACCCCTATTGTCTGATC-GGTAATAATTACAGTATCTTCTTCTTATCGCTTCC-CGTTTACCGCCGGTATTACAATGCTTCTTACAGACC-GTAATCTAAATACTTCTTCTCGACCCCGCGGAGGA-GGAGACCCCATCTATACCAACTTGTTC		FISHP 051-15

BG-38- IMARPE	A (166) G (115) C (182) T (195)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCTTATTTATTTTGGTGCTGAGCAGGCATG- GTAGGAACCGCTCTGAGTCTTCTGATCCGAGCCGAG- TTAAGCCAACCCGGAGCCCTTTCCGGTGACGACCAA- ATTATAATGTAATCGTCACGGCACATGCTTTCGTA- ATAATTTTCTCATAGTAATGCCAGTAATAATGGAG- GGTTCGGAAACTGACTAGTCCCAATAATAATGGA- GCCCCGACATAGCCTTCCCAATAATAATAATAA- GCTTCTGACTCTCCACCATCATCTGCTTCTCT- CGCCCTTCAGGTGTAGAAGCAGGAGCGGGGACAG- GATGAACCTGTTATCCTCTCTAGCAGGAACCTAGCC- CAGCAGGTGCCCTGTAGACTTAACCATCTTCTCCCT- GCATTAGCAGGAATTCTCTCAATTCTCGGGCAAT- TAACTTATTACAACCTATTATAATATAAAACCACCT- GCTGTTACAATACCAACACCCCTATTGTCTGATC- GGTACTAATTACAGCTATCCTTCTCTTATCGCTTCC- CGTTTAGCCGGGATACAAATGCTTCTACAGACC- GTAATCTAAATACTTCTTCTCGACCCCGCGGAGGA- GGAGACCCATCTATACCAACTGTTC</p>		FISHP 070-15
BG-39- IMARPE	A (165) G (116) C (182) T (195)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCTTATTTATTTTGGTGCTGAGCAGGCATG- GTAGGAACCGCTCTGAGCCTTCTGATCCGAGCCGAG- TTAAGCCAACCCGGAGCCCTTTCCGGTGACGACCAA- ATTATAATGTAATCGTCACGGCACATGCTTTCGTA- ATAATTTTCTCATAGTAATGCCAGTAATAATGGAG- GGTTCGGAAACTGACTAGTCCCAATAATAATGGA- GCCCCGACATAGCCTTCCCAATAATAATAATAA- GCTTCTGACTCTCCACCATCATCTGCTTCTCT- CGCCCTTCAGGTGTAGAAGCAGGAGCGGGGACAG- GATGAACCTGTTATCCTCTCTAGCAGGAACCTAGCC- CAGCAGGTGCCCTGTAGACTTAACCATCTTCTCCCT- GCATTAGCAGGAATTCTCTCAATTCTCGGGCAAT- TAACTTATTACAACCTATTATAATGAAACCACCT- GCTGTTACAATACCAACACCCCTATTGTCTGATC- GGTACTAATTACAGCTATCCTTCTCTTATCGCTTCC- CGTTTAGCCGGGATACAAATGCTTCTACAGACC- GTAATCTAAATACTTCTTCTCGACCCCGCGGAGGA- GGAGACCCATCTATACCAACTGTTC</p>		FISHP 071-15
BG-40- IMARPE	A (165) G (116) C (182) T (195)	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCTTATTTATTTTGGTGCTGAGCAGGCATG- GTAGGAACCGCTCTGAGTCTTCTGATCCGAGCCGAG- TTAAGCCAACCCGGAGCCCTTTCCGGTGACGACCAA- ATTATAATGTAATCGTCACGGCACATGCTTTCGTA- ATAATTTTCTCATAGTAATGCCAGTAATAATGGAG- GGTTCGGAAACTGACTAGTCCCAATAATAATGGA- GCCCCGACATAGCCTTCCCAATAATAATAATAA- GCTTCTGACTCTCCACCATCATCTGCTTCTCT- CGCCCTTCAGGTGTAGAAGCAGGAGCGGGGACAG- GATGAACCTGTTATCCTCTCTAGCAGGAACCTAGCC- CAGCAGGTGCCCTGTAGACTTAACCATCTTCTCCCT- GCATTAGCAGGAATTCTCTCAATTCTCGGGCAAT- TAACTTATTACAACCTATTATAATGAAACCACCT- GCTGTTACAATACCAACACCCCTATTGTCTGATC- GGTACTAATTACAGCTATCCTTCTCTTATCGCTTCC- CGTTTAGCCGGGATACAAATGCTTCTACAGACC- GTAATCTAAATACTTCTTCTCGACCCCGCGGAGGA- GGAGACCCATCTATACCAACTGTTC</p>		FISHP 072-15

Merluccius gayi (Guichenot, 1848) "merluza" (Fig. 19)


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Gadiformes	
Familia : Merlucciidae	
Género : <i>Merluccius</i>	
Especie : <i>Merluccius gayi</i> Guichenot, 1848	
Código Colección Científica: IMARPE 015837, IMARPE 015835, IMARPE 01536, IMARPE 015832, IMARPE 015833, IMARPE 015834	

Figura 19.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de ejemplares de *Merluccius gayi*

Tabla 15.- Caracteres morfométricos y merísticos de ejemplares de *Merluccius gayi*

Medición	Código de espécimen						Número de ejemplares (N=6)			
	BG-1	BG-2	BG-3	BG-4	BG-5	BG-6	Rango	Promedio	DS	Var
Longitud total (LT) (mm)	244	236	245	265	255	218	218 - 265	243,8	16,1	32,3
Longitud estándar (LS) (mm)	220	215	220	237	227	200	200 - 237	219,8	12,4	24,7
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	70	67	66	73	72	62	62 - 73	68,3	4,1	8,3
Longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD) (mm)	74	70	75	82	76	67	67 - 82	74,0	5,2	10,4
Longitud a la 2ª aleta dorsal (L2aD) (mm)	105	98	105	107	109	92	92 - 109	102,7	6,4	12,8
Longitud de la aleta pectoral (LaP) (mm)	52	46	44	48	52	47	44 - 52	48,2	3,3	6,5
Nº de radios en la 1ª aleta dorsal (NºR1aD)	10	11	13	10	10	11	10 - 13	10,8	1,2	2,3
Nº de radios en la 2ª aleta dorsal (NºR2aD)	36	34	35	34	35	37	26 - 37	35	1,2	2,3
Nº de branquiespinas rama superior (NºBrS)	6	5	5	5	6	5	5 - 6	5	0,5	1,0
Nº de branquiespinas rama inferior (NºBrI)	16	15	15	14	15	15	14 - 16	15	0,6	1,3

Tabla 16.- Posiciones nucleotídicas de los sitios polimórficos identificados en 652 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Merluccius gayi* (BG-1-IMARPE a BG-6-IMARPE), *M. gayi gayi* y *M. gayi* de Chile, y *M. productus*. (•) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila. Filas sombreadas de gris corresponden a muestras colectadas en este estudio

Código de secuencia	Posición nucleotídica										
	10	22	109	196	203	247	418	529	547	571	577
BG - 1 - IMARPE	C	T	T	T	A	T	C	C	A	A	G
BG - 2 - IMARPE	•	•	•	•	•	•	•	•	•	G	•
BG - 3 - IMARPE	•	•	•	•	•	•	•	•	•	G	•
BG - 4 - IMARPE	•	•	•	•	•	•	•	•	•	G	•
BG - 5 - IMARPE	•	•	C	•	•	•	•	•	•	G	•
BG - 6 - IMARPE	•	•	•	•	•	•	•	•	•	G	•
<i>M. gayi gayi</i> FCHIL058 Chile	•	•	•	•	•	•	•	•	•	G	•
<i>M. gayi gayi</i> FCHIL059 Chile	A	G	•	•	•	•	•	•	•	G	•
<i>M. gayi gayi</i> FCHIL0616 Chile	A	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
<i>M. gayi</i> FOAD 317 EF 609407 Chile	•	•	•	•	•	•	•	•	•	G	•
<i>M. gayi</i> EF 609407	•	•	•	•	•	•	•	•	•	G	•
<i>Merluccius productus</i> JQ354225	•	•	•	C	C	C	•	T	G	•	A
<i>Merluccius productus</i> KF918882	•	•	•	C	C	C	•	T	G	•	A
<i>Merluccius productus</i> FJ164843	•	•	•	C	C	C	•	T	G	•	A
<i>Merluccius productus</i> FJ164855	•	•	•	C	C	C	G	T	G	•	A

Análisis morfométrico y merístico

En la Tabla 15 se indican los valores de los caracteres morfométricos y merísticos de 6 ejemplares de merluza.

Análisis molecular

Se analizaron 6 individuos obteniendo secuencias nucleotídicas de 658 pb con un contenido C+G de 49,37%. Luego del alineamiento múltiple de las secuencias se identificaron 3 haplotipos con un total de 2 sitios polimórficos en las muestras colectadas, al compararlas con *Merluccius productus* (Ayres, 1855) se observaron diferencias en 8 sitios polimórficos (Tabla 16). De acuerdo a la comparación de secuencias con las bases de datos se

obtuvieron comparaciones entre 99 y 100% de identidad con *M. gayi* para todas las muestras analizadas (Tabla 17). A partir del análisis de agrupamiento considerando secuencias de 652 pb procedentes de Chile (extraídas de la base de datos BOLD) y de otras especies del género *Merluccius* (obtenidas del GenBank) se obtuvo la formación de un solo clado para *M. gayi* con una robustez del 99% (Fig. 20). No se observan diferencias entre muestras colectadas en Perú (*M. gayi peruanus*) y *M. gayi gayi* de Chile. A partir de este análisis se sugiere realizar la revisión de la categoría de subespecies de *M. gayi* (*M. gayi peruanus* y *M. gayi gayi*). Las secuencias incorporadas en el iBOL se encuentran registradas con los DNA Barcode FISHP015-15 a FISHP020-15 (Tabla 18).

Tabla 17.- Porcentajes de identidad o similitud de los mejores hits obtenidos de la comparación entre BG-1-IMARPE a BG-6-IMARPE, con las secuencias de las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura.

#	Código colecta	BOLD Systems			GenBank		E - value	Número de accesión		
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I(%)	C(%)				
1	BG-1-IMARPE	<i>Merluccius</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	99	94	0	EF609407
2	BG-2-IMARPE	<i>Merluccius</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	100	94	0	EF609407
3	BG-3-IMARPE	<i>Merluccius</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	100	94	0	EF609407
4	BG-4-IMARPE	<i>Merluccius</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	100	94	0	EF609407
5	BG-5-IMARPE	<i>Merluccius</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	(99,85)	<i>M. gayi</i>	99	94	0	EF609407
6	BG-6-IMARPE	<i>Merluccius</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	(100)	<i>M. gayi</i>	100	94	0	EF609407

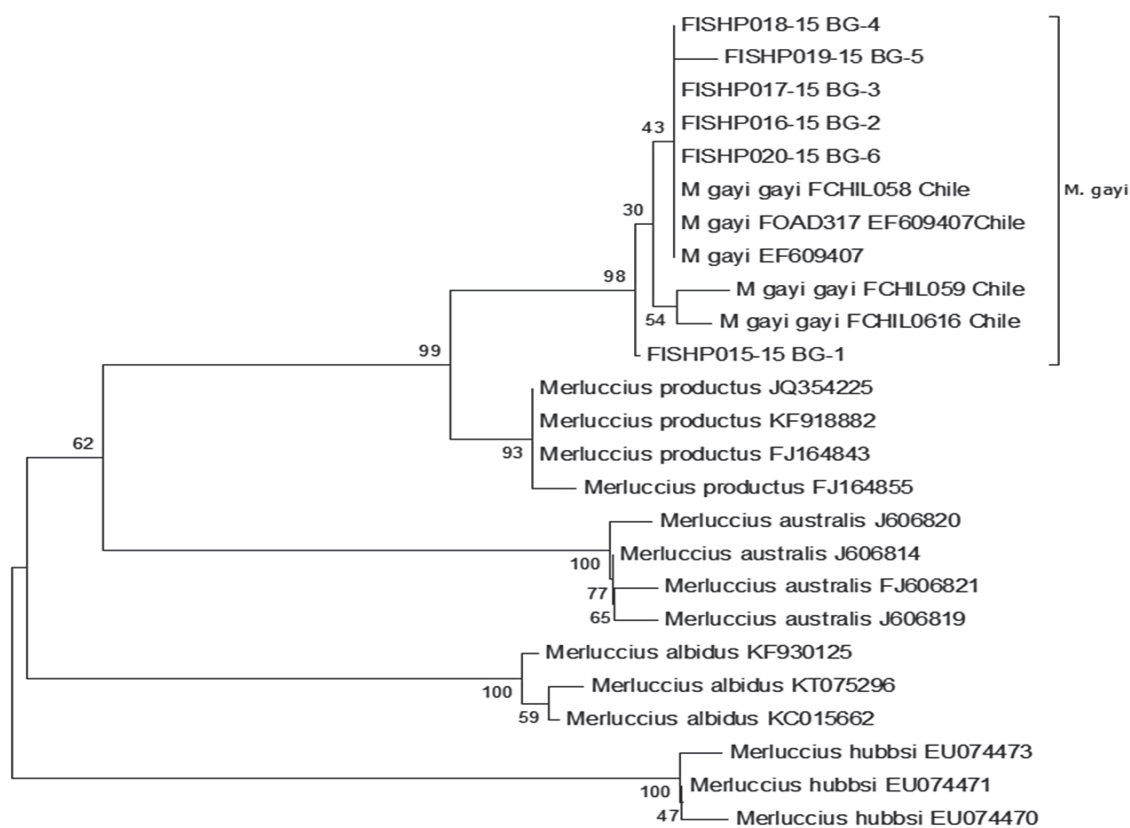


Figura 20.- Árbol NJ basado en secuencias COI de *Merluccius gayi* (BG-1 a BG-6) y otras obtenidas de las bases de datos de nucleótidos GenBank y BOLD

Tabla 18.- Códigos de identificación de muestras de *Merluccius gayi* (BG-1 a BG-6) incorporadas en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
BG-1-IMARPE	A (155) G (117) C (207) T (179)	Región: COL-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTATCTCGTATTTGGTGCTTGAGCCGGCAGT- CGGAACAGCCCTAAGCCTGCTCATCCGAGCAGAACTTA- GTCAACCAGGCGCACTCCTGGGCGACGATCAAATTTA- TAACGTAATCGTCAAGGCACACGCCCTTCGTAATAATTTTC- TTATAGTAATAACCGTTAATAATTGGGGGCTTTGGAAACT- GACTTGTCCCAATAATGATCGGAGCCCGGCATAGCC- TCCCCCGAATAAATAATATAAGCTTCTGACTTCCCTC- CATCTTCTGCTCCTCTAGCATCTCCGGAGTAGAAGC- CGGGCCGGGACAGGTTGAACAGTATATCCCCCTTCG- CAAGCAATCTTGCCACGCTGGCGCCAGCGTGGACCT- CACTATTTTCTCACTTCACTTAGCAGGCGTTTCTCAA- TTCTGGGAGCAATTAATTTTATTACTACTATTATCAAT- GAAGCCCCTGCAATCTCAATAACAGACACCCCTC- TTTGTGTGATCCGTACTATTACAGCTGTCTCTTCC- TACTCTCCCTACCGTCTTAGCCGCGGCATCAAGATACT- GCTAACTGACCGAAACCTCAACACCTCTCTTTGACCC- CGCCGAGGGGAGACCCATCTATACCAGCACTTATTC		FISHP 015-15
BG-2-IMARPE	A (154) G (118) C (207) T (179)	Región: COL-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTATCTCGTATTTGGTGCTTGAGCCGGCAGT- CGGAACAGCCCTAAGCCTGCTCATCCGAGCAGAACTTA- GTCAACCAGGCGCACTCCTGGGCGACGATCAAATTTA- TAACGTAATCGTCAAGGCACACGCCCTTCGTAATAATTTTC- TTATAGTAATAACCGTTAATAATTGGGGGCTTTGGAAACT- GACTTGTCCCAATAATGATCGGAGCCCGGCATAGCC- TCCCCCGAATAAATAATATAAGCTTCTGACTTCCCTC- CATCTTCTGCTCCTCTAGCATCTCCGGAGTAGAAGC- CGGGCCGGGACAGGTTGAACAGTATATCCCCCTTCG- CAAGCAATCTTGCCACGCTGGCGCCAGCGTGGACCT- CACTATTTTCTCACTTCACTTAGCAGGCGTTTCTCAA- TTCTGGGAGCAATTAATTTTATTACTACTATTATCAAT- GAAGCCCCTGCAATCTCAATAACAGACACCCCTC- TTTGTGTGATCCGTACTATTACAGCTGTCTCTTCC- TACTCTCCCTACCGTCTTAGCCGCGGCATCAAGATACT- GCTAACTGACCGAAACCTCAACACCTCTCTTTGACCC- CGCCGAGGGGAGACCCATCTATACCAGCACTTATTC		FISHP 016-15
BG-3-IMARPE	A (154) G (118) C (207) T (179)	Región: COL-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTATCTCGTATTTGGTGCTTGAGCCGGCAGT- CGGAACAGCCCTAAGCCTGCTCATCCGAGCAGAACTTA- GTCAACCAGGCGCACTCCTGGGCGACGATCAAATTTA- TAACGTAATCGTCAAGGCACACGCCCTTCGTAATAATTTTC- TTATAGTAATAACCGTTAATAATTGGGGGCTTTGGAAACT- GACTTGTCCCAATAATGATCGGAGCCCGGCATAGCC- TCCCCCGAATAAATAATATAAGCTTCTGACTTCCCTC- CATCTTCTGCTCCTCTAGCATCTCCGGAGTAGAAGC- CGGGCCGGGACAGGTTGAACAGTATATCCCCCTTCG- CAAGCAATCTTGCCACGCTGGCGCCAGCGTGGACCT- CACTATTTTCTCACTTCACTTAGCAGGCGTTTCTCAA- TTCTGGGAGCAATTAATTTTATTACTACTATTATCAAT- GAAGCCCCTGCAATCTCAATAACAGACACCCCTC- TTTGTGTGATCCGTACTATTACAGCTGTCTCTTCC- TACTCTCCCTACCGTCTTAGCCGCGGCATCAAGATACT- GCTAACTGACCGAAACCTCAACACCTCTCTTTGACCC- CGCCGAGGGGAGACCCATCTATACCAGCACTTATTC		FISHP 017-15
BG-4-IMARPE	A (154) G (118) C (207) T (179)	Región: COL-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTATCTCGTATTTGGTGCTTGAGCCGGCAGT- CGGAACAGCCCTAAGCCTGCTCATCCGAGCAGAACTTA- GTCAACCAGGCGCACTCCTGGGCGACGATCAAATTTA- TAACGTAATCGTCAAGGCACACGCCCTTCGTAATAATTTTC- TTATAGTAATAACCGTTAATAATTGGGGGCTTTGGAAACT- GACTTGTCCCAATAATGATCGGAGCCCGGCATAGCC- TCCCCCGAATAAATAATATAAGCTTCTGACTTCCCTC- CATCTTCTGCTCCTCTAGCATCTCCGGAGTAGAAGC- CGGGCCGGGACAGGTTGAACAGTATATCCCCCTTCG- CAAGCAATCTTGCCACGCTGGCGCCAGCGTGGACCT- CACTATTTTCTCACTTCACTTAGCAGGCGTTTCTCAA- TTCTGGGAGCAATTAATTTTATTACTACTATTATCAAT- GAAGCCCCTGCAATCTCAATAACAGACACCCCTC- TTTGTGTGATCCGTACTATTACAGCTGTCTCTTCC- TACTCTCCCTACCGTCTTAGCCGCGGCATCAAGATACT- GCTAACTGACCGAAACCTCAACACCTCTCTTTGACCC- CGCCGAGGGGAGACCCATCTATACCAGCACTTATTC		FISHP 018-15
BG-5-IMARPE	A (154) G (118) C (207) T (179)	Región: COL-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTATCTCGTATTTGGTGCTTGAGCCGGCAGT- CGGAACAGCCCTAAGCCTGCTCATCCGAGCAGAACTTA- GTCAACCAGGCGCACTCCTGGGCGACGATCAAATTTA- TAACGTAATCGTCAAGGCACACGCCCTTCGTAATAATTTTC- TTATAGTAATAACCGTTAATAATTGGGGGCTTTGGAAACT- GACTTGTCCCAATAATGATCGGAGCCCGGCATAGCC- TCCCCCGAATAAATAATATAAGCTTCTGACTTCCCTC- CATCTTCTGCTCCTCTAGCATCTCCGGAGTAGAAGC- CGGGCCGGGACAGGTTGAACAGTATATCCCCCTTCG- CAAGCAATCTTGCCACGCTGGCGCCAGCGTGGACCT- CACTATTTTCTCACTTCACTTAGCAGGCGTTTCTCAA- TTCTGGGAGCAATTAATTTTATTACTACTATTATCAAT- GAAGCCCCTGCAATCTCAATAACAGACACCCCTC- TTTGTGTGATCCGTACTATTACAGCTGTCTCTTCC- TACTCTCCCTACCGTCTTAGCCGCGGCATCAAGATACT- GCTAACTGACCGAAACCTCAACACCTCTCTTTGACCC- CGCCGAGGGGAGACCCATCTATACCAGCACTTATTC		FISHP 019-15
BG-6-IMARPE	A (154) G (118) C (207) T (179)	Región: COL-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTATCTCGTATTTGGTGCTTGAGCCGGCAGT- CGGAACAGCCCTAAGCCTGCTCATCCGAGCAGAACTTA- GTCAACCAGGCGCACTCCTGGGCGACGATCAAATTTA- TAACGTAATCGTCAAGGCACACGCCCTTCGTAATAATTTTC- TTATAGTAATAACCGTTAATAATTGGGGGCTTTGGAAACT- GACTTGTCCCAATAATGATCGGAGCCCGGCATAGCC- TCCCCCGAATAAATAATATAAGCTTCTGACTTCCCTC- CATCTTCTGCTCCTCTAGCATCTCCGGAGTAGAAGC- CGGGCCGGGACAGGTTGAACAGTATATCCCCCTTCG- CAAGCAATCTTGCCACGCTGGCGCCAGCGTGGACCT- CACTATTTTCTCACTTCACTTAGCAGGCGTTTCTCAA- TTCTGGGAGCAATTAATTTTATTACTACTATTATCAAT- GAAGCCCCTGCAATCTCAATAACAGACACCCCTC- TTTGTGTGATCCGTACTATTACAGCTGTCTCTTCC- TACTCTCCCTACCGTCTTAGCCGCGGCATCAAGATACT- GCTAACTGACCGAAACCTCAACACCTCTCTTTGACCC- CGCCGAGGGGAGACCCATCTATACCAGCACTTATTC		FISHP 020-15

***Cherublemma emmelas* (Gilbert, 1890) "congrío negro" (Fig. 21)**


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Ophidiiformes	
Familia : Ophidiidae	
Género : <i>Cherublemma</i>	
Especie : <i>Cherublemma emmelas</i> (C.H. Gilbert, 1890)	
Código Colección Científica: IMARPE015837, IMARPE015838, IMARPE015839, IMARPE015840, IMARPE015841, IMARPE0158424	

Figura 21.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de los ejemplares de *Cherublemma emmelas*Tabla 19.- Caracteres morfométricos y merísticos de los ejemplares de *Cherublemma emmelas*

Medición	Código de espécimen						Número de ejemplares (N=6)			
	BG-13	BG-14	BG-15	BG-16	BG-17	BG-18	Rango	Promedio	DS	Var
Longitud total (LT) (mm)	228	229	232	216	220	225	216 - 229	225,0	6,0	12,0
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	52	53	60	55	51	54	51 - 60	54,2	3,2	6,4
Longitud postorbital de la cabeza (LpoC) (mm)	30	31	36	33	31	32	30 - 36	32,2	2,1	4,3
Longitud hocico al margen postorbital (Lhpo) (mm)	22	22	24	22	20	22	20 - 24	22,0	1,3	2,5
Longitud hocico a preopérculo (LhpO) (mm)	40	40	41	40	36	42	36 - 42	39,8	2,0	4,1
LpoC/Lhpo	1,4	1,4	1,5	1,5	1,6	1,5	1,4 - 1,6	1,5	0,1	0,1
Nº de radios en la aleta dorsal (NºRaD)	113	108	111	109	111	112	108 - 113	111	1,9	3,7

Tabla 20.- Posiciones nucleotídicas de los sitios polimórficos identificados en 683 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Cherublemma emmelas* (BG-13-IMARPE a BG-18-IMARPE). (•) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de secuencia	Posición nucleotídica						
	228	249	282	327	477	480	489
BG-13-IMARPE	T	T	G	A	T	A	G
BG-14-IMARPE	•	•	•	•	•	G	•
BG-15-IMARPE	•	•	•	G	•	•	A
BG-16-IMARPE	•	C	A	•	C	•	•
BG-17-IMARPE	C	•	•	•	•	•	A
BG-18-IMARPE	•	•	•	G	•	•	A

Análisis morfométrico y merístico

En la Tabla 19 se detallan las mediciones morfométricas y merísticas de *Ch. emmelas*.

Análisis molecular

Se obtuvieron secuencias nucleotídicas de 658 pb de 6 individuos con un contenido C+G de 45,8%. Se identificaron 6 haplotipos con presencia de 7 sitios polimórficos de los cuales 2 fueron parsimonia informativos (Tabla 20). De acuerdo a la comparación de las secuencias obtenidas con las bases de datos BOLD y NCBI no se logró identificar molecularmente a la

especie debido a la ausencia de información en las bases mencionadas. Solo pudo confirmarse que pertenecía a la Familia Ophidiidae (Tabla 21).

El árbol NJ construido a partir de secuencias de 641 pb en donde se incluyeron individuos de especies emparentadas obtenidos del GenBank mostró una separación adecuada de la especie respecto a otras, con una robustez del 100% (Fig. 22). Se determinó una distancia genética intraespecífica de 0% e interespecífica variando entre 3,10% y 3,96%. Las secuencias se encuentran registradas en el iBOL con los DNA Barcode FISHP034-15 a FISHP037-15, FISHP043-15 y FISHP044-15 (Tabla 22).

Tabla 21.- Porcentajes de identidad o similitud de los mejores hits obtenidos de la comparación entre BG-13 a BG-18-IMARPE con las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = Similitud, I = Identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

#	Código colecta	BOLD Systems		GenBank - NCBI			Número de Acceso	
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)		E -value
1	BG -13 -IMARPE	no hay referencia		<i>Genypterus capensis</i> *	86*	95	0	HM007735
2	BG -14 -IMARPE	no hay referencia		<i>Genypterus capensis</i> *	86*	95	0	HM007735
3	BG -15 -IMARPE	no hay referencia		<i>Genypterus capensis</i> *	86*	95	0	HM007735
4	BG -16 -IMARPE	no hay referencia		<i>Genypterus capensis</i> *	86*	97	0	HM007735
5	BG -17 -IMARPE	no hay referencia		<i>Genypterus capensis</i> *	95*	87	0	HM007735
6	BG -18 -IMARPE	no hay referencia		<i>Genypterus capensis</i> *	95*	86	0	HM007735

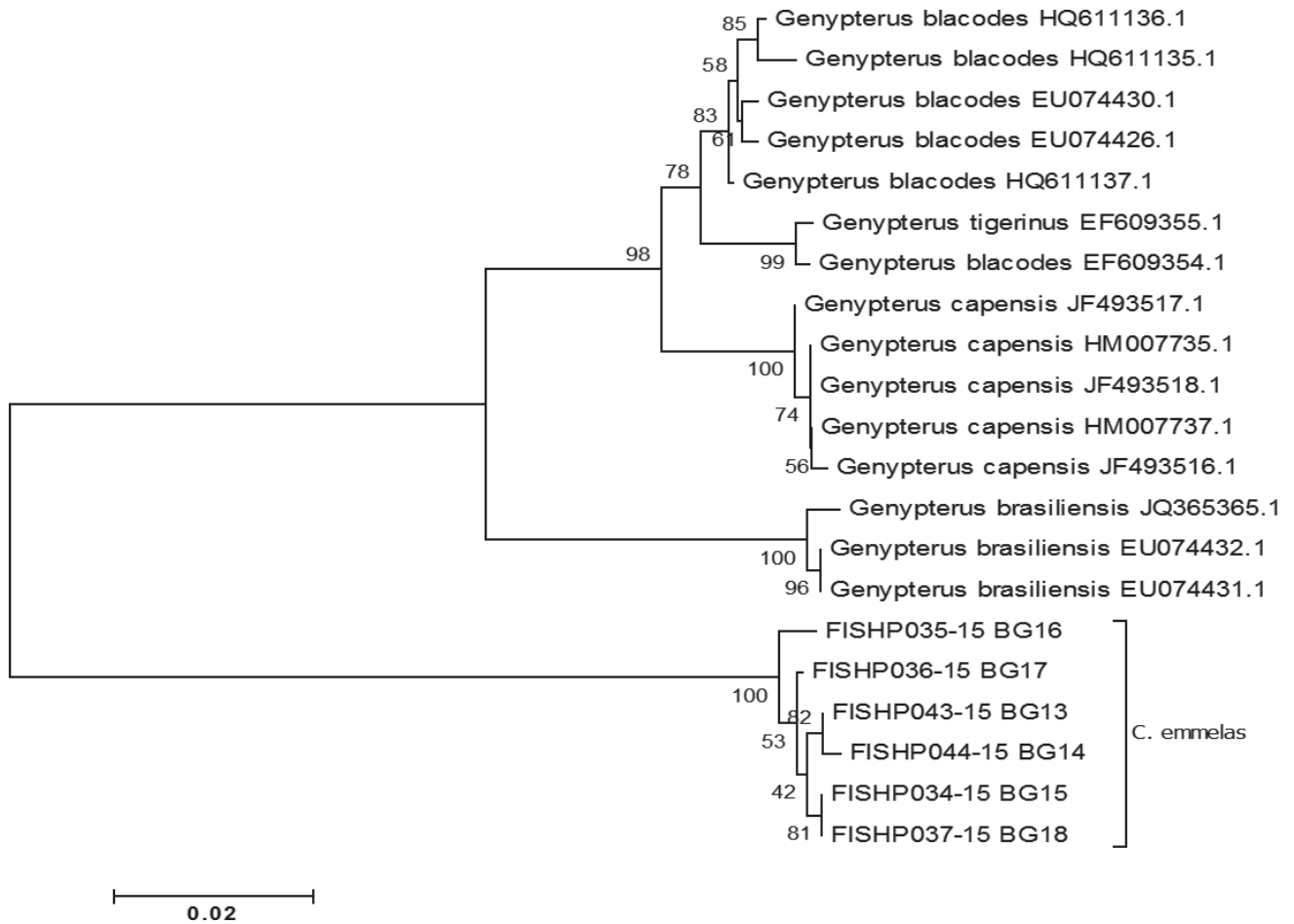


Figura 22.- Árbol NJ basado en las secuencias del gen COI de *Cherublemma emmelas* (BG-13 a BG-18), incluyendo otras secuencias obtenidas del GenBank

Tabla 22.- Códigos de identificación de *Cherublemma emmelas* (BG-13 a BG-18), incorporadas en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
BG-13- IMARPE	A (159)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTTATCTAGTATTGGTGCTGAGCCGGAATAGTAGGAACAGCCCTAAGTC- TTCTATTGGGCAGAACTGAGCCAACCCGGCGCCCTCTCGGAGACGACCAAAAT- TTATAACGTGATGTAACAGCTCAGCCCTTCGTATATAATTTCTCATAGTCATACCA- ATCATGATTGGTGGTTTCGGAAGCTGACTAATTCCTCTATGATTGGTGCCCGCA- CATAGCAATTCACGAATAAATAATAGAGCTTTTGACTCTGCCACCCCTATTCC- TTCTCCTCTAGCCCTCTCCGGGTAGAAAGAGGGGGCTGTACCGGCTGAACCG- TTATCCACCCCTATCAGGCAACCTTTCCACGGCGGACCCCTCTGTGACCTGAC- TATCTTTCACTTCACTAGCGGGTGTGCTCAATTTAGGGGCCATTAACCTTAT- TACCACAATTAATAAATAAAACCTCCGGCTATCTCACAATATCAAACACCTTTAT- TATTGATCTCTTAATCAGCAGGTTCTCTCTCTATCGCTCCGAGTCTTGGC- GCAGGCATCACCATACTCCTTACGGACCGAAACTTAAACACCACCTTTCTCGATCC- CGAGGAGGAGGAGACCAATTCTTTATCAACACTTATTC		FISHP 043-15
	G (109)			
	C (192)			
	T (198)			
BG-14- IMARPE	A (158)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTTATCTAGTATTGGTGCTGAGCCGGAATAGTAGGAACAGCCCTAAGTC- TTCTATTGGGCAGAACTGAGCCAACCCGGCGCCCTCTCGGAGACGACCAAAAT- TTATAACGTGATGTAACAGCTCAGCCCTTCGTATATAATTTCTCATAGTCATACCA- ATCATGATTGGTGGTTTCGGAAGCTGACTAATTCCTCTATGATTGGTGCCCGCA- CATAGCAATTCACGAATAAATAATAGAGCTTTTGACTCTGCCACCCCTATTCC- TTCTCCTCTAGCCCTCTCCGGGTAGAAAGAGGGGGCTGTACCGGCTGAACCG- TTATCCACCCCTATCAGGCAACCTTTCCACGGCGGACCCCTCTGTGACCTGAC- TATCTTTCACTTCACTAGCGGGTGTGCTCAATTTAGGGGCCATTAACCTTAT- TACCACAATTAATAATGAAACCTCCGGCTATCTCACAATATCAAACACCTTTAT- TATTGATCTCTTAATCAGCAGGTTCTCTCTCTATCGCTCCGAGTCTTGGC- GCAGGCATCACCATACTCCTTACGGACCGAAACTTAAACACCACCTTTCTCGATCC- CGAGGAGGAGGAGACCAATTCTTTATCAACACTTATTC		FISHP 044-15
	G (110)			
	C (192)			
	T (198)			
BG-15- IMARPE	A (159)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTTATCTAGTATTGGTGCTGAGCCGGAATAGTAGGAACAGCCCTAAGTC- TTCTATTGGGCAGAACTGAGCCAACCCGGCGCCCTCTCGGAGACGACCAAAAT- TTATAACGTGATGTAACAGCTCAGCCCTTCGTATATAATTTCTCATAGTCATACCA- ATCATGATTGGTGGTTTCGGAAGCTGACTAATTCCTCTATGATTGGTGCCCGCA- CATAGCAATTCACGAATAAATAATAGAGCTTTTGACTCTGCCACCCCTATTCC- TTCTCCTCTAGCCCTCTCCGGGTAGAAAGAGGGGGCTGTACCGGCTGAACCG- TTATCCACCCCTATCAGGCAACCTTTCCACGGCGGACCCCTCTGTGACCTGAC- TATCTTTCACTTCACTAGCGGGTGTGCTCAATTTAGGGGCCATTAACCTTAT- TACCACAATTAATAATGAAACCTCCGGCTATCTCACAATATCAAACACCTTTAT- TATTGATCTCTTAATCAGCAGGTTCTCTCTCTATCGCTCCGAGTCTTGGC- GCAGGCATCACCATACTCCTTACGGACCGAAACTTAAACACCACCTTTCTCGATCC- CGAGGAGGAGGAGACCAATTCTTTATCAACACTTATTC		FISHP 034-15
	G (109)			
	C (192)			
	T (198)			
BG-16- IMARPE	A (160)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTTATCTAGTATTGGTGCTGAGCCGGAATAGTAGGAACAGCCCTAAGTC- TTCTATTGGGCAGAACTGAGCCAACCCGGCGCCCTCTCGGAGACGACCAAAAT- TTATAACGTGATGTAACAGCTCAGCCCTTCGTATATAATTTCTCATAGTCATACCA- ATCATGATTGGTGGTTTCGGAAGCTGACTAATTCCTCTATGATTGGTGCCCGCA- CATAGCAATTCACGAATAAATAATAGAGCTTTTGACTCTGCCACCCCTATTCC- TTCTCCTCTAGCCCTCTCCGGGTAGAAAGAGGGGGCTGTACCGGCTGAACCG- TTATCCACCCCTATCAGGCAACCTTTCCACGGCGGACCCCTCTGTGACCTGAC- TATCTTTCACTTCACTAGCGGGTGTGCTCAATTTAGGGGCCATTAACCTTAT- TACCACAATTAATAAATAAAACCTCCAGCTATCTCACAATATCAAACACCTTTAT- TATTGATCTCTTAATCAGCAGGTTCTCTCTCTATCGCTCCGAGTCTTGGC- GCAGGCATCACCATACTCCTTACGGACCGAAACTTAAACACCACCTTTCTCGATCC- CGAGGAGGAGGAGACCAATTCTTTATCAACACTTATTC		FISHP 035-15
	G (108)			
	C (194)			
	T (196)			
BG-17- IMARPE	A (160)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTTATCTAGTATTGGTGCTGAGCCGGAATAGTAGGAACAGCCCTAAGTC- TTCTATTGGGCAGAACTGAGCCAACCCGGCGCCCTCTCGGAGACGACCAAAAT- TTATAACGTGATGTAACAGCTCAGCCCTTCGTATATAATTTCTCATAGTCATACCA- ATCATGATTGGTGGTTTCGGAAGCTGACTAATTCCTCTATGATTGGTGCCCGCA- CATAGCAATTCACGAATAAATAATAGAGCTTTTGACTCTGCCACCCCTATTCC- TTCTCCTCTAGCCCTCTCCGGGTAGAAAGAGGGGGCTGTACCGGCTGAACCG- TTATCCACCCCTATCAGGCAACCTTTCCACGGCGGACCCCTCTGTGACCTGAC- TATCTTTCACTTCACTAGCGGGTGTGCTCAATTTAGGGGCCATTAACCTTAT- TACCACAATTAATAAATAAAACCTCCAGCTATCTCACAATATCAAACACCTTTAT- TATTGATCTCTTAATCAGCAGGTTCTCTCTCTATCGCTCCGAGTCTTGGC- GCAGGCATCACCATACTCCTTACGGACCGAAACTTAAACACCACCTTTCTCGATCC- CGAGGAGGAGGAGACCAATTCTTTATCAACACTTATTC		FISHP 036-15
	G (108)			
	C (193)			
	T (197)			
BG-18- IMARPE	A (159)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCCTTATCTAGTATTGGTGCTGAGCCGGAATAGTAGGAACAGCCCTAAGTC- TTCTATTGGGCAGAACTGAGCCAACCCGGCGCCCTCTCGGAGACGACCAAAAT- TTATAACGTGATGTAACAGCTCAGCCCTTCGTATATAATTTCTCATAGTCATACCA- ATCATGATTGGTGGTTTCGGAAGCTGACTAATTCCTCTATGATTGGTGCCCGCA- CATAGCAATTCACGAATAAATAATAGAGCTTTTGACTCTGCCACCCCTATTCC- TTCTCCTCTAGCCCTCTCCGGGTAGAAAGAGGGGGCTGTACCGGCTGAACCG- TTATCCACCCCTATCAGGCAACCTTTCCACGGCGGACCCCTCTGTGACCTGAC- TATCTTTCACTTCACTAGCGGGTGTGCTCAATTTAGGGGCCATTAACCTTAT- TACCACAATTAATAAATAAAACCTCCAGCTATCTCACAATATCAAACACCTTTAT- TATTGATCTCTTAATCAGCAGGTTCTCTCTCTATCGCTCCGAGTCTTGGC- GCAGGCATCACCATACTCCTTACGGACCGAAACTTAAACACCACCTTTCTCGATCC- CGAGGAGGAGGAGACCAATTCTTTATCAACACTTATTC		FISHP 037-15
	G (109)			
	C (192)			
	T (198)			

***Pontinus sierra* (Gilbert, 1890) “pez diablico” (Fig. 23)**


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Scorpaeniformes	
Familia : Scorpaenidae	
Género : <i>Pontinus</i>	
Especie : <i>Pontinus sierra</i> (Gilbert, 1890)	
Código Colección Científica: IMARPE 016289	

Figura 23.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de *Pontinus sierra***Análisis morfométrico y merístico**

Los caracteres morfométricos y merísticos se indican en la Tabla 23.

Análisis molecular

A partir de la amplificación parcial del gen COI se obtuvo una secuencia de 694 pb con un contenido C+G de 48,27%. Su comparación con las bases de

datos permitió identificar el ejemplar como *Pontinus* sp. con 99,85% de probabilidad (Tabla 24). El análisis de agrupamiento considerando secuencias múltiples de especies emparentadas, mostró organismos en el clado del género *Pontinus* (Fig. 24) formado con una robustez de 99%. La secuencia incorporada en el iBOL se encuentra registrada con el DNA Barcode FISHP069-15 (Tabla 25) siendo el primer registro para la especie en el BOLD.

Tabla 23.- Caracteres morfométricos y merísticos del ejemplar de *Pontinus sierra*

Medición	Código de espécimen BG-32
Longitud total (LT) (mm)	142
Longitud estándar (LS) (mm)	111
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	48
Longitud del hocico (Lh) (mm)	15
Longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD) (mm)	46
Dímetro mayor del ojo (DO) (mm)	12
Nº de radios en la 1ª aleta dorsal (NºR1aD)	12
Nº de radios en la 2ª aleta dorsal (NºR2aD)	10
Nº de branquiespinas en rama superior (NºBrS)	6
Nº de branquiespinas en el centro (NºBC)	1
Nº de branquiespinas en rama inferior (NºBrI)	8
Nº de radios de la aleta pectoral (NºRaP)	17
Nº de escamas en la línea lateral (NºELL)	35

Tabla 24.- Porcentajes de identidad o similitud del mejor hit obtenido de la comparación entre BG-32-IMARPE con las secuencias de las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = Similitud, I = Identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

#	Código colecta	Base de datos BOLD Systems		Base de datos GenBank		-NCBI		
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)	E-value	Número de Acceso
1	BG -32-IMARPE	Pontinus (100)	Pontinus sp. a (99.85)	Pontinus kuhlii*	97	94	0	JQ774695

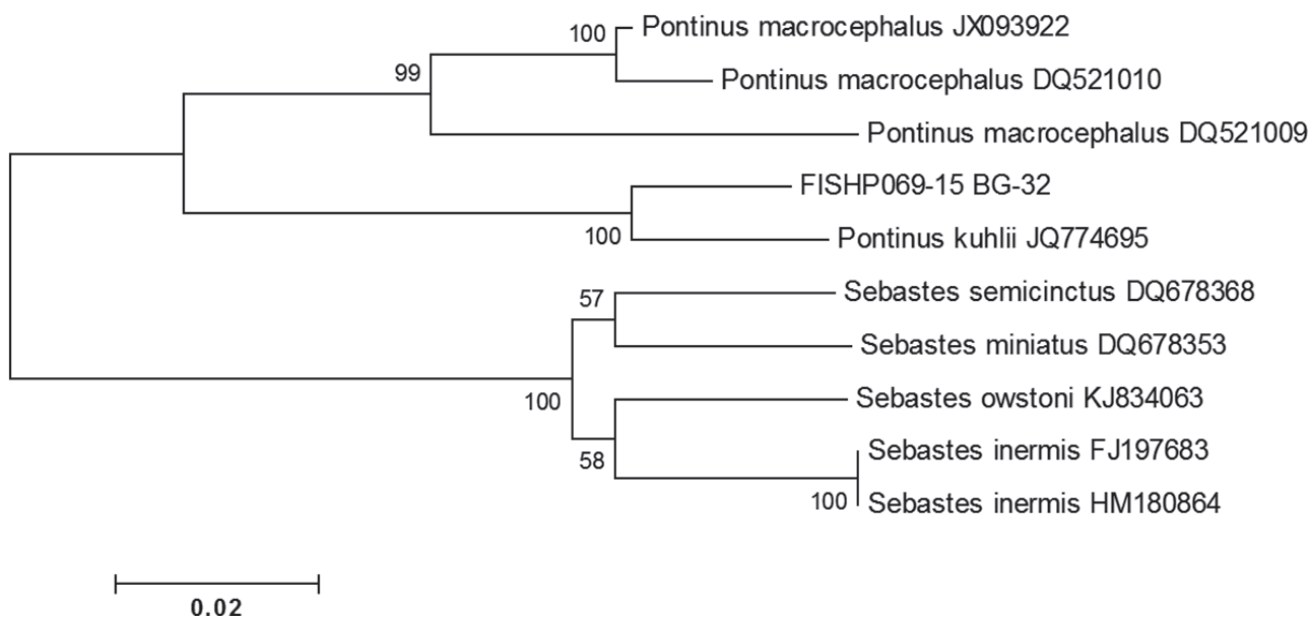


Figura 24.- Árbol NJ basado en secuencias COI de Pontinus sierra (BG-32) y otras obtenidas del GenBank

Tabla 25.- Código de identificación de Pontinus sierra (BG-32) incorporada en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
BG-32-IMARPE	A (200) G (204) C (131) T (159)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 694pb CTCAGGGTTCGGAAGAATCAGAAGAGGTGTGGTACAG- GATTGGGTCCTCCCTCCTGCCGGTCCGGAAGAAGTGGTG- TTAAGGTTTCGGTCTGTAAGAAGCATTGTGATGCCAGCAGC- TAGAACGGGAAGGGAGAGAAGAAGCAGGACAGCTGTA- TTAGGTTGCTCAACAATAGGGGTGTTGGTACTGAGA- GATGGCTGGGGTTTCATATTAATAATTGTGTAATAAAT- TAATTGCACCAAGAATCGAAGAAACCCCTGCAAGGTGAA- GGGAGAAAATTGTTAAGTCGACAGATGCCCTGCATGGGC- TAGGTTTCCAGCCAGGGGAGGGTAAACAGTCCAACCA- TACCGGCTCCCGCTCTACTCCGGAAGAGGCAAGGAGTAG- GAGGAAGGAAGGGGGGAGAAGCCAGAAGCTTATGTTATT- TATAGGAGGAATGCCATGTGCGGGGCCCGATCATCATG- GGAATAAGCCAGTTTCAAAGCCTCCGATCATAATTGGTA- TTACTATAAGAAAATCATTACAAAGGCGTGTGCCGTAA- GATTACATTGTAATTTGGTCTCTCCAAGGAGAGGCGCCG- GGTGGCTAAGTTCTGCTCGAATCAGCAGGCTTAAGGCTGT- GCCTACTATGCCAGCTCAAGCACCACCAATACTAGATATAAG- GTGCCAATGCTTTATG		FISHP 069-15

Prionotus stephanophrys (Lockington, 1881) "falso volador" (Fig. 25)


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Scorpaeniformes	
Familia : Triglidae	
Género : <i>Prionotus</i>	
Especie : <i>Prionotus stephanophrys</i> (Lockington, 1881)	
Código Colección Científica: IMARPE 015849 , IMARPE 015850, IMARPE 015851, IMARPE 015852, IMARPE 015853, IMARPE 015854	

Figura 25.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de los ejemplares de *Prionotus stephanophrys*

Análisis morfométrico y merístico

En la Tabla 26 se indican las medidas morfométricas y merísticas de los ejemplares de *Prionotus stephanophrys*.

Análisis molecular

De 6 ejemplares se obtuvieron secuencias nucleotídicas de 658 pb, con un contenido C+G de 48,25%. Se identificaron 6 haplotipos, con presencia de 9 sitios polimórficos de los cuales 5 fueron parsimonia informativos (Tabla 27). Todas las secuencias mostraron probabilidades entre 99 y 100% de corresponder a la especie *Prionotus stephanophrys* (Tabla 28). El alineamiento múltiple se realizó incluyendo

secuencias de 648 pb del género *Prionotus* obtenidos del GenBank. La distancia genética y el dendograma NJ separaron adecuadamente a *P. stephanophrys* de otras especies del género. Se determinó una distancia genética intraespecífica de 3,22% e interespecífica variando de 2,53% a 4,98%. Los especímenes de este estudio formaron un solo clado con otras secuencias de la especie *P. stephanophrys* procedentes de California (código de acceso GU440478) con un bootstrap de 100%, y de Ecuador (código BOLD LIDMA826-11) con un bootstrap de 93% (Fig. 26). Las secuencias incorporadas en el iBOL se encuentran registradas con los DNA Barcodes: FISHP028-15 a FISHP33-15 (Tabla 29).

Tabla 26.- Caracteres morfométricos, merísticos y proporciones de los ejemplares de *Prionotus stephanophrys*

Medición	Código de espécimen						Número de ejemplares (N=6)			
	BG-7	BG-8	BG-9	BG-10	BG-11	BG-12	Rango	Promedio	DS	Var
Longitud total (LT) (mm)	243	241	222	227	213	221	213 - 243	227,8	11,9	23,7
Longitud estándar (LS) (mm)	203	204	178	186	168	182	168 - 204	186,8	14,2	28,5
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	73	66	64	68	59	64	59 - 73	65,7	4,7	9,4
Longitud de la aleta pectoral (LaP) (mm)	93	86	84	94	81	92	81 - 94	88,3	5,4	10,8
Longitud de la 1ª espina dorsal (L1eD) (mm)	24	21	21	24	24	22	21 - 24	22,7	1,5	3,0
LS/LaP	2,2	2,4	2,1	2,0	2,1	2,0	2,0 - 2,4	2,1	0,1	0,3
LC/L1eD	3,0	3,1	3,0	2,8	2,5	2,9	2,5 - 3,0	2,9	0,2	0,5
Nº de escamas en la línea lateral (NºELL)	63	67	64	64	62	66	62 - 67	64	1,9	3,7
Nº de radios libres de la aleta pectoral (NºRlaP)	3	3	3	3	3	3	-	-	-	-

Tabla 27.- Posiciones nucleotídicas de sitios polimórficos de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Prionotus stephanophrys*. (•) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de secuencia	Posición nucleotídica								
	102	180	387	507	510	585	645	651	660
BG -7 -IMARPE	C	G	G	G	G	C	G	C	C
BG -8 -IMARPE	T	A •	A	•	A	T	•	•	•
BG -9 -IMARPE	T	•	A	•	A	T	A	•	T
BG -10 -IMARPE	T	•	•	•	•	•	•	•	•
BG -11 -IMARPE	T	•	•	•	•	•	•	A	•
BG -12 -IMARPE	T	•	A	A	A	T	A	•	T

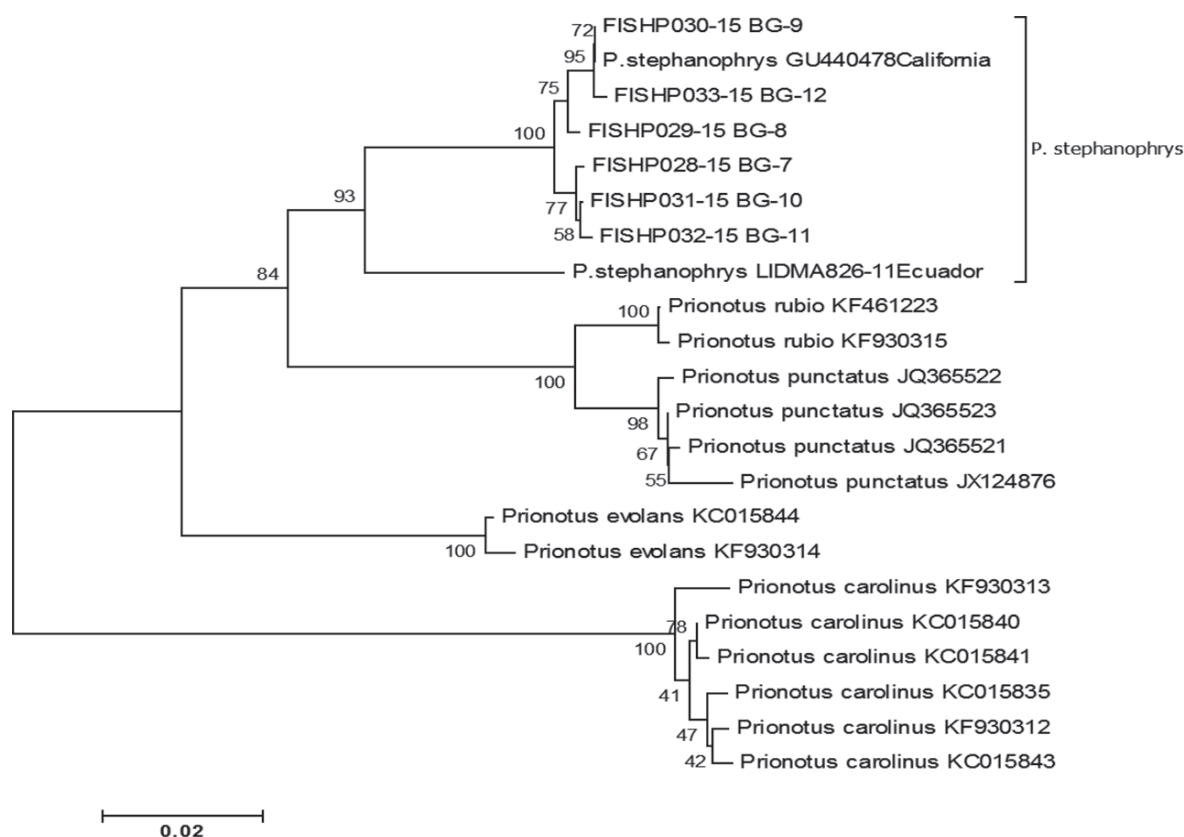
Figura 26.- Árbol NJ basado en las secuencias del gen COI de *Prionotus stephanophrys* (BG-7 a BG12) incluyendo otra secuencias obtenidas del GenBank

Tabla 28.- Porcentajes de identidad o similitud de los mejores hits obtenidos de la comparación de BG-7 a BG-12-IMARPE con los datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura

#	Código colecta	BOLD Systems			GenBank-NCBI			Número accesión
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)	E-value	
1	BG-7-IMARPE	<i>Prionotus</i> (100)	<i>P. stephanophrys</i> (99,66)	<i>P. stephanophrys</i>	99	93	0	GU440478
2	BG-8-IMARPE	<i>Prionotus</i> (100)	<i>P. stephanophrys</i> (99,70)	<i>P. stephanophrys</i>	99	94	0	GU440478
3	BG-9-IMARPE	<i>Prionotus</i> (100)	<i>P. stephanophrys</i> (100)	<i>P. stephanophrys</i>	100	93	0	GU440478
4	BG-10-IMARPE	<i>Prionotus</i> (100)	<i>P. stephanophrys</i> (99,83)	<i>P. stephanophrys</i>	99	96	0	GU440478
5	BG-11-IMARPE	<i>Prionotus</i> (100)	<i>P. stephanophrys</i> (99,83)	<i>P. stephanophrys</i>	99	93	0	GU440478
6	BG-12-IMARPE	<i>Prionotus</i> (100)	<i>P. stephanophrys</i> (99,85)	<i>P. stephanophrys</i>	99	93	0	GU440478

Tabla 29.- Código de identificación de *Prionotus stephanophrys* (BG-7) incorporada en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
BG-7-IMARPE	A (136) G (127) C (194) T (201)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTCTACCTAGTGTGGTGCCTGAGCTGGAATAGTCGGCACA-GCCTTGAGCCTCTAATTCGGGCAGAACTCAGTCAGCCTGGCCCTTCTGGGGCAGCAGCAACTTTATAATGTTATCGTTACAGCACATGCTTTGTAATAATTTCTTTATGGTTATGCCAATCATAATTGGGGCTTTGGCAACTGACTTGTGCCCTAATGATTTGGGGCTCCGGACATGGCTTCCTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTCTCCCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCACCTCTCAGCCGTAGAAGCTGGGGCTGGCACAGGATGAACGTCTACCCACCCCTTGCTGGCAATCTCGCTCAGCAGGGGCTCCGTGGATCTGCAATTTTTCACTTCACTTAGCAGGGATCTCTCAATTTTAGGGCTATTAACCTTATCACTACTATTTTTAACATGAAGCCCAGCCATGTCCGCCTACAGATGCCCTATTTGTTGGCCGTGTAATTAAGCCGTAATTTACTCTCTCTCCCTGTCTAGCTGGGCTATCACTATGTACTCACAGACCGAAACTGAATACCACTTTCTTTGACCCCGCAGGAG-GAGGGGACCCATCTATACCAACACTTATC		FISHP 028-15
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTCTACCTAGTGTGGTGCCTGAGCTGGAATAGTCGGCACA-GCCTTGAGCCTCTAATTCGGGCAGAACTCAGTCAGCCTGGCCCTTCTGGGGCAGCAGCAACTTTATAATGTTATCGTTACAGCACATGCTTTGTAATAATTTCTTTATGGTTATGCCAATCATAATTGGGGCTTTGGCAACTGACTTGTGCCCTAATGATTTGGGGCTCCGGACATGGCTTCCTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTCTCCCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCACCTCTCAGCCGTAGAAGCTGGGGCTGGCACAGGATGAACGTCTACCCACCCCTTGCTGGCAATCTCGCTCAGCAGGGGCTCCGTGGATCTGCAATTTTTCACTTCACTTAGCAGGGATCTCTCAATTTTAGGGCTATTAACCTTATCACTACTATTTTTAACATGAAGCCCAGCCATGTCCGCCTACAGATGCCCTATTTGTTGGCCGTGTAATTAAGCCGTAATTTACTCTCTCTCCCTGTCTAGCTGGGCTATCACTATGTACTCACAGACCGAAACTGAATACCACTTTCTTTGACCCCGCAGGAG-GAGGGGACCCATCTATACCAACACTTATC		FISHP 029-15
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTCTACCTAGTGTGGTGCCTGAGCTGGAATAGTCGGCACA-GCCTTGAGCCTCTAATTCGGGCAGAACTCAGTCAGCCTGGCCCTTCTGGGGCAGCAGCAACTTTATAATGTTATCGTTACAGCACATGCTTTGTAATAATTTCTTTATGGTTATGCCAATCATAATTGGGGCTTTGGCAACTGACTTGTGCCCTAATGATTTGGGGCTCCGGACATGGCTTCCTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTCTCCCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCACCTCTCAGCCGTAGAAGCTGGGGCTGGCACAGGATGAACGTCTACCCACCCCTTGCTGGCAATCTCGCTCAGCAGGGGCTCCGTGGATCTGCAATTTTTCACTTCACTTAGCAGGGATCTCTCAATTTTAGGGCTATTAACCTTATCACTACTATTTTTAACATGAAGCCCAGCCATGTCCGCCTACAGATGCCCTATTTGTTGGCCGTGTAATTAAGCCGTAATTTACTCTCTCTCCCTGTCTAGCTGGGCTATCACTATGTACTCACAGACCGAAACTGAATACCACTTTCTTTGACCCCGCAGGAG-GAGGGGACCCATCTATACCAACACTTATC		FISHP 030-15
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTCTACCTAGTGTGGTGCCTGAGCTGGAATAGTCGGCACA-GCCTTGAGCCTCTAATTCGGGCAGAACTCAGTCAGCCTGGCCCTTCTGGGGCAGCAGCAACTTTATAATGTTATCGTTACAGCACATGCTTTGTAATAATTTCTTTATGGTTATGCCAATCATAATTGGGGCTTTGGCAACTGACTTGTGCCCTAATGATTTGGGGCTCCGGACATGGCTTCCTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTCTCCCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCACCTCTCAGCCGTAGAAGCTGGGGCTGGCACAGGATGAACGTCTACCCACCCCTTGCTGGCAATCTCGCTCAGCAGGGGCTCCGTGGATCTGCAATTTTTCACTTCACTTAGCAGGGATCTCTCAATTTTAGGGCTATTAACCTTATCACTACTATTTTTAACATGAAGCCCAGCCATGTCCGCCTACAGATGCCCTATTTGTTGGCCGTGTAATTAAGCCGTAATTTACTCTCTCTCCCTGTCTAGCTGGGCTATCACTATGTACTCACAGACCGAAACTGAATACCACTTTCTTTGACCCCGCAGGAG-GAGGGGACCCATCTATACCAACACTTATC		FISHP 031-15
BG-11-IMARPE	A (137) G (127) C (192) T (202)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTCTACCTAGTGTGGTGCCTGAGCTGGAATAGTCGGCACA-GCCTTGAGCCTCTAATTCGGGCAGAACTCAGTCAGCCTGGCCCTTCTGGGGCAGCAGCAACTTTATAATGTTATCGTTACAGCACATGCTTTGTAATAATTTCTTTATGGTTATGCCAATCATAATTGGGGCTTTGGCAACTGACTTGTGCCCTAATGATTTGGGGCTCCGGACATGGCTTCCTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTCTCCCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCACCTCTCAGCCGTAGAAGCTGGGGCTGGCACAGGATGAACGTCTACCCACCCCTTGCTGGCAATCTCGCTCAGCAGGGGCTCCGTGGATCTGCAATTTTTCACTTCACTTAGCAGGGATCTCTCAATTTTAGGGCTATTAACCTTATCACTACTATTTTTAACATGAAGCCCAGCCATGTCCGCCTACAGATGCCCTATTTGTTGGCCGTGTAATTAAGCCGTAATTTACTCTCTCTCCCTGTCTAGCTGGGCTATCACTATGTACTCACAGACCGAAACTGAATACCACTTTCTTTGACCCCGCAGGAG-GAGGGGACCCATCTATACCAACACTTATC		FISHP 032-15
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTCTACCTAGTGTGGTGCCTGAGCTGGAATAGTCGGCACA-GCCTTGAGCCTCTAATTCGGGCAGAACTCAGTCAGCCTGGCCCTTCTGGGGCAGCAGCAACTTTATAATGTTATCGTTACAGCACATGCTTTGTAATAATTTCTTTATGGTTATGCCAATCATAATTGGGGCTTTGGCAACTGACTTGTGCCCTAATGATTTGGGGCTCCGGACATGGCTTCCTCGAATAAATAACATAAGCTTCTGACTTCTCCCTCCTCTCTCTCTCTCTCTCACCTCTCAGCCGTAGAAGCTGGGGCTGGCACAGGATGAACGTCTACCCACCCCTTGCTGGCAATCTCGCTCAGCAGGGGCTCCGTGGATCTGCAATTTTTCACTTCACTTAGCAGGGATCTCTCAATTTTAGGGCTATTAACCTTATCACTACTATTTTTAACATGAAGCCCAGCCATGTCCGCCTACAGATGCCCTATTTGTTGGCCGTGTAATTAAGCCGTAATTTACTCTCTCTCCCTGTCTAGCTGGGCTATCACTATGTACTCACAGACCGAAACTGAATACCACTTTCTTTGACCCCGCAGGAG-GAGGGGACCCATCTATACCAACACTTATC		FISHP 033-15

Citharichthys platophrys Gilbert, 1891 "lenguado plato" (Figs. 27, 28)

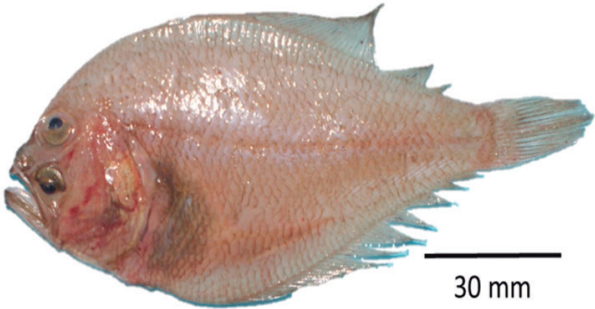
Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Pleuronectiformes	
Familia : Paralichthyidae	
Género : <i>Citharichthys</i>	
Especie : <i>Citharichthys platophrys</i> Gilbert, 1891	Código Colección Científica: IMARPE 015820, IMARPE 016287

Figura 27.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de los ejemplares de *Citharichthys platophrys*

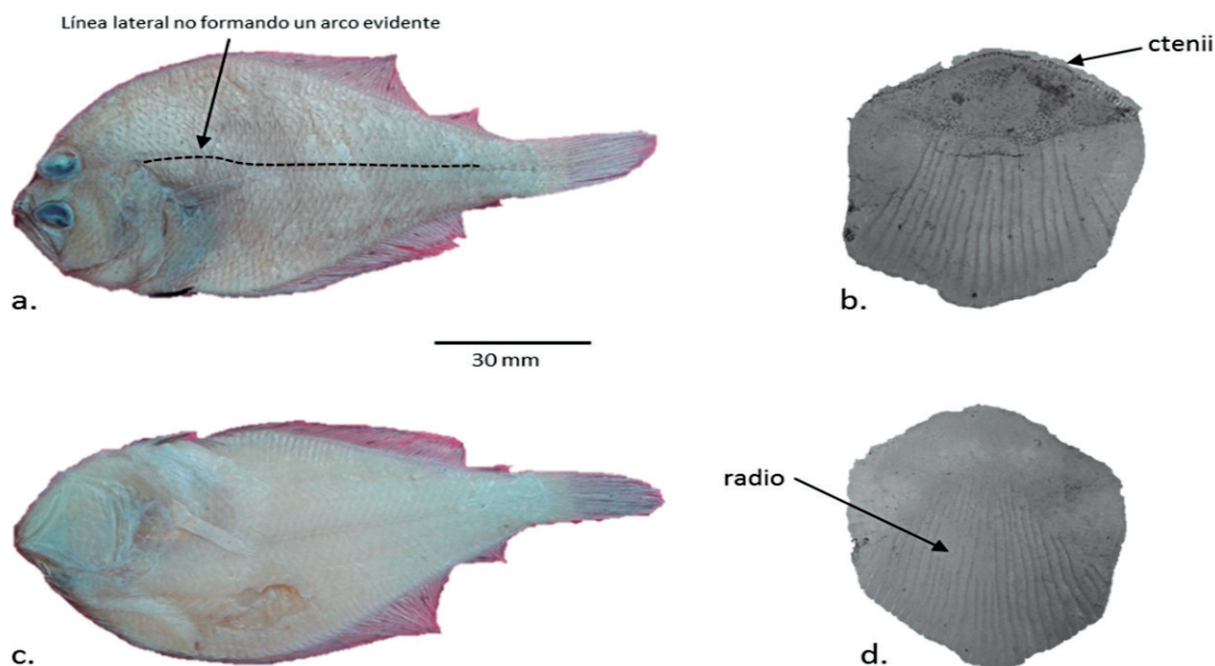


Figura 28.- Forma de la línea lateral de *Citharichthys platophrys*: a. Lado ocular, b. escama ctenoidea, c. Lado ciego, d. escama cicloidea

Análisis morfométrico y merístico

En base a la revisión de algunas de las características morfológicas, se hace la propuesta de denominarlo "lenguado plato".

En la Tabla 30 se presentan las medidas morfométricas, merísticas y algunas proporciones de *Citharichthys platophrys*.

Análisis molecular

Se obtuvieron secuencias nucleotídicas de 658 pb de 2 individuos con un contenido C+G de 45,36%. Luego del

alineamiento múltiple de secuencias de 645 pb, donde se incluyeron otras obtenidas del BOLD, se identificaron 10 sitios polimórficos únicos (Tabla 31). A nivel molecular se logró determinar a los ejemplares hasta el nivel de especie con un 99% de probabilidad de corresponder a *Citharichthys platophrys* tanto en el BOLD como en el GenBank-NCBI (Tabla 32). El árbol NJ construido mostró una separación adecuada del pez plato respecto a otras especies, con una robustez del grupo dado por un valor de bootstrap de 100% (Fig. 29). Las secuencias se encuentran registradas en el iBOL con los DNA Barcode: FISHP007-15 y FISHP008-15 (Tabla 33).

Tabla 30.- Caracteres morfométricos y merísticos de los ejemplares de *Citharichthys platophrys*

Medición	Código de espécimen		Número de ejemplares (N=2)		
	HP-68	HP-72	Promedio	DS	Var
Longitud total (LT) (mm)	117	121	119,0	2,8	5,7
Longitud estándar (LS) (mm)	94	100	97,0	4,2	8,5
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	30	34	32,0	2,8	5,7
Altura o ancho del cuerpo (AC) (mm)	43	48	45,5	3,5	7,1
Longitud de la aleta pectoral (LaP) (mm)	21	25	23,0	2,8	5,7
Longitud de la maxila (LM) (mm)	8	9	8,5	0,7	1,4
Diámetro mayor del ojo (DO) (mm)	8	9	8,5	0,7	1,4
Diámetro menor del ojo (dO) (mm)	5	7	6,0	1,4	2,8
LC/DO	3,8	3,8	3,8	0,0	0,0
LC/LM	3,8	3,8	3,8	0,0	0,0
N° de radios de la aleta dorsal (N°RaD)	79	77	78	1,4	2,8
N° de radios de la aleta anal (N°RaA)	63	62	63	0,7	1,4
N° de branquiespinas rama superior (N°BrS)	4	4	4	0,0	0,0
N° de branquiespinas rama inferior (N°BrI)	8	9	9	0,7	1,4

Tabla 31.- Posiciones nucleotídicas de sitios polimórficos identificados en 645 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Citharichthys platophrys* de este estudio y del BOLD. (•) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de secuencias	Posiciones nucleotídicas									
	71	211	226	400	430	571	574	634	646	652
HP-68	T	C	G	C	G	G	A	T	G	C
HP-72	C	T	A	A	•	•	G	•	•	•
<i>C. platophrys</i> LIDMA 1005-11	C	•	•	•	•	•	•	•	A	G
<i>C. platophrys</i> LIDMA 1004-11	C	•	•	•	A	•	G	•	•	•
<i>C. platophrys</i> JX516093	C	•	•	•	A	•	G	•	•	•
<i>C. platophrys</i> JX516089	C	•	•	•	•	A	G	C	•	•

Tabla 32.- Porcentajes de identidad o similitud de los mejores hits obtenidos de la comparación entre las secuencias nucleotídicas HP68 y HP-72 con las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura

#	Código colecta	BOLD Systems		GenBank-NCBI			Número accesoión	
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)		E-value
1	HP 68	<i>Citharichthys</i> (100)	<i>C. platophrys</i> (99,54)	<i>C. platophrys</i>	99	95	0	JX516099
2	HP 72	<i>Citharichthys</i> (100)	<i>C. platophrys</i> (99,39)	<i>C. platophrys</i>	99	95	0	JX516099

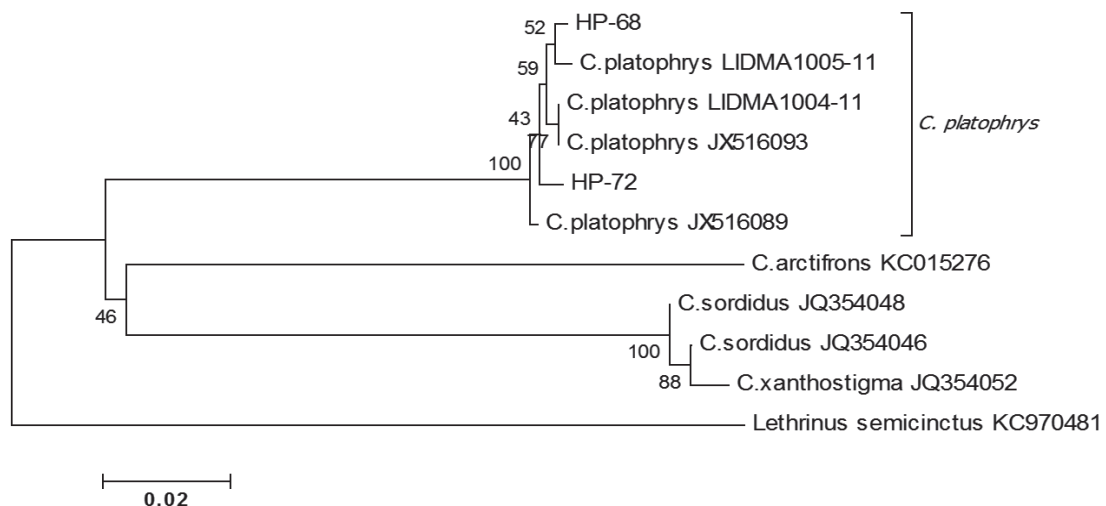


Figura 29.- Árbol NJ basado en las secuencias del gen COI de *Citharichthys platophrys* (HP-68 y HP-72) y otras especies del género obtenidas del GenBank

Tabla 33.- Códigos de identificación de *Citharichthys platophrys* (HP-68 y HP-72) incorporadas en la base de datos del iBOL

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb		
HP-68	A (158) G (123) C (176) T (201)	<p>CACCCTTATCTTGATTTGGTGCCTGAGCTGGCATGGTTGGGA-CAGCACTAAGTCTTCTCATCCGAGCTGAATTAAGTCAACCAG-GAGCTCTCCTGGGAGACGACAGATTTACAATGTTATCGTTAC-GGCACATGCCCTCGTAATAATTTCTTTATAGTAATACCATCAT-GATTGGAGGCTTTGGGAATTGATTAATCCCTTATGATCGGA-GCCCTGATATGGCATTTCGCCGAATAACAATATGAGTTTCT-GACTCTCCCTCCATCTTCTCTCTCTAGCCTCTCCGGGG-TTGAAGCAGGGCGGGAACAGGCTGAACAGCTATCCCTCTA-GCAGGCAATTAGCACACGCGGAGCATCTGTAGACCTTACTATT-TTCTCCCTCCATCTGCAGGTATTCTTCTATTAGGGGCAATTA-TTTTATTACTACAATTATTAACATGAAACCTACATCTGTTACAATG-TACCAAATTCCTTATTGTGGGCTGTCTGATTACGGCTGTCC-TACTTACTATCCCTACCAGTCTAGCTGCAGGAATTACGATAC-TACTACAGACCGAAATCTAAATACAACCTTCTCGACCCCGCA-GGGGGAGGAGACCTATCTCTACCAGCACCTCTTC</p>		FISHP 007-15
		Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb		
HP-72	A (159) G (123) C (175) T (201)	<p>CACCCTTATCTTGATTTGGTGCCTGAGCTGGCATGGTTGGGA-CAGCACTAAGTCTTCTCATCCGAGCTGAACCTAAGTCAACCAG-GAGCTCTCCTGGGAGACGACAGATTTACAATGTTATCGTTAC-GGCACATGCCCTCGTAATAATTTCTTTATAGTAATACCATCAT-GATTGGAGGCTTTGGGAATTGATTAATCCCTTATGATTTGGA-GCCCTGATATAGCATTTCGCCGAATAACAATATGAGTTTCT-GACTCTCCCTCCATCTTCTCTCTCTAGCCTCTCCGGGG-TTGAAGCAGGGCGGGAACAGGCTGAACAGTCTATCCCTCTA-GCAGGCAATTAGCACACGCGGAGCATCTGTAGACCTTACTATT-TTCTCCCTACATCTGCAGGTATTCTTCTATTAGGGGCAATTA-TTTTATTACTACAATTATTAACATGAAACCTACATCTGTTACAATG-TACCAAATTCCTTATTGTGGGCTGTCTGATTACGGCTGTCC-TACTTACTATCCCTACCAGTCTAGCTGCAGGAATTACGATGC-TACTACAGACCGAAATCTAAATACAACCTTCTCGACCCCGCA-GGGGGAGGAGACCTATCTCTACCAGCACCTCTTC</p>		FISHP 008-15

Hippoglossina macrops Steindachner, 1876 “lenguado de ojo grande” (Fig. 30)


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Pleuronectiformes	
Familia : Paralichthyidae	
Género : <i>Hippoglossina</i>	
Especie : <i>Hippoglossina macrops</i> Steindachner, 1876	Códigos Colección Científica: IMARPE 015825, IMARPE 015821, IMARPE 015824, IMARPE 015826, IMARPE 015822, IMARPE 015823

Figura 30.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE de los ejemplares de *Hippoglossina macrops*

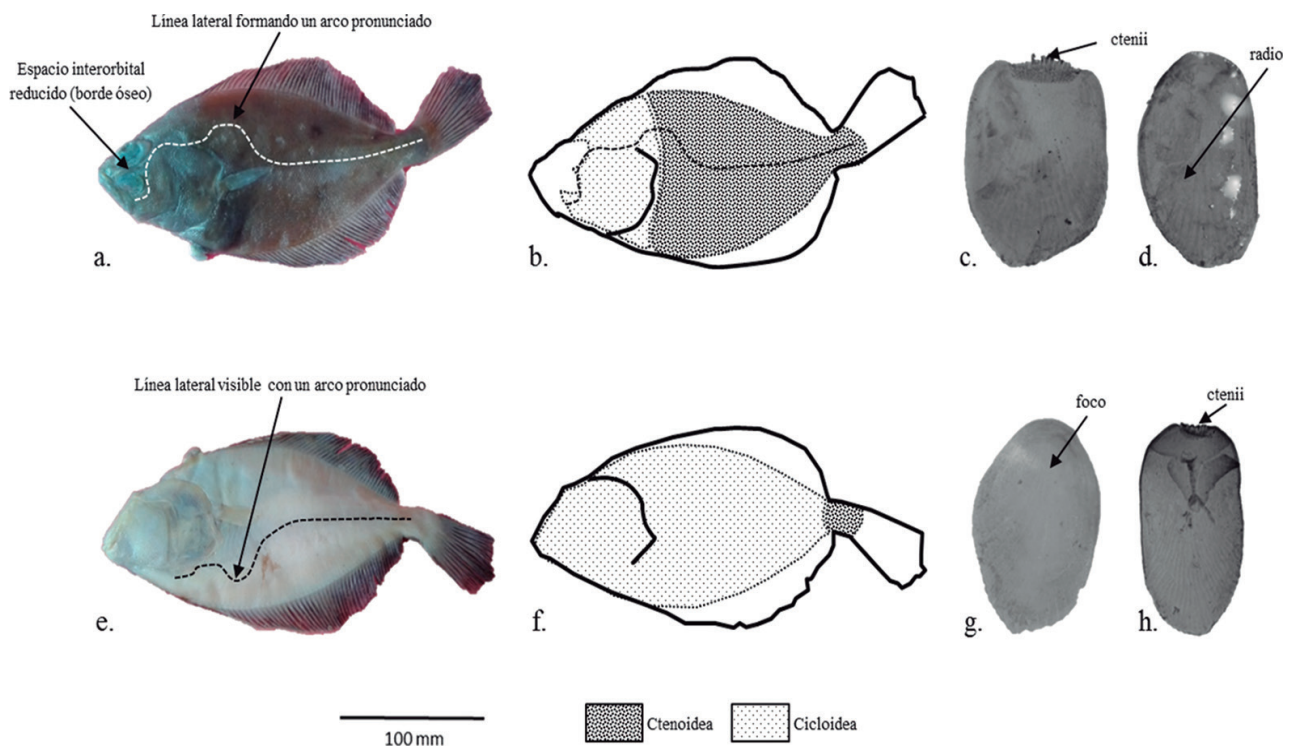


Figura 31.- *Hippoglossina macrops*. Forma de la línea lateral: lado ocular (a) y lado ciego (e). Disposición de escamas: lado ocular (b) y lado ciego (f). Tipo de escamas: lado ocular ctenoidea (c) y cicloidea (d); lado ciego cicloidea (g) y ctenoidea (h)

Análisis morfométrico y merístico

En la Tabla 34 se muestran los datos de las mediciones del cuerpo y conteos de caracteres merísticos de los ejemplares analizados.

Las escamas son de tipo ctenoideas en el lado ocular desde la base de la aleta caudal hasta la mitad del arco de la línea lateral y de tipo cicloidea desde el hocico hasta la mitad del arco de la línea lateral. En el lado ciego son del tipo cicloideas a excepción del área del pedúnculo caudal donde se presentan escamas ctenoideas (Fig. 31). Se observa una cresta interorbital

reducida a un borde óseo. El lado ocular es de color café con manchas difusas.

Análisis molecular

Se analizaron 6 individuos obteniendo secuencias nucleotídicas de 658 pb con un contenido C+G de 44,71%. Luego del alineamiento múltiple de las secuencias se observaron 6 haplotipos, con un total de 6 sitios polimórficos de los cuales 2 fueron parsimonia informativos (Tabla 35). A nivel molecular se logró identificar a los ejemplares hasta el nivel de género *Hippoglossina* debido a la ausencia de información de

la especie en las bases de datos (Tabla 36). La distancia genética y el dendograma NJ construido utilizando 628 pb separaron adecuadamente a *H. macrops* de otras especies del género, con una distancia genética interespecífica con *H. oblonga* de 3,5%. La robustez del clado para *H. macrops* está dado por un 97% de bootstrap

diferenciándose claramente del clado formado por *H. stomata* con quien mostró altos valores (99%) de identidad (Fig. 32). Las secuencias incorporadas en el iBOL se encuentran registradas con los DNA Barcodes: FISHP009-15 a FISHP014-15 (Tabla 37). Son los primeros registros de secuencias nucleotídicas en la base de datos.

Tabla 34.- Caracteres morfométricos, merísticos y proporciones de los ejemplares de *Hippoglossina macrops*

Medición	Código de espécimen						Número de ejemplares (N=6)			
	BG-25	BG-26	BG-27	BG-28	BG-29	BG-30	Rango	Promedio	DS	Var
Longitud total (LT) (mm)	217	228	265	226	277	227	217 - 277	240,0	24,6	49,3
Longitud estándar (LS) (mm)	175	186	208	181	222	182	175 - 222	192,3	18,4	36,9
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	56	64	81	65	85	65	56 - 85	69,3	11,2	22,4
Altura o ancho del cuerpo (AC) (mm)	78	78	98	79	99	83	78 - 99	85,8	10,0	20,0
Longitud de la aleta pectoral (LaP) (mm)	24	25	32	28	33	28	24 - 33	28,3	3,6	7,2
Longitud de la maxila (LM) (mm)	20	23	30	24	33	23	20 - 33	25,5	4,9	9,9
Diámetro mayor del ojo (DO) (mm)	15	16	19	18	17	18	16 - 19	17,2	1,5	2,9
Diámetro menor del ojo (dO) (mm)	10	12	14	14	13	13	10 - 14	12,7	1,5	3,0
LC/DO	3,7	4,0	4,3	3,6	5,0	3,6	3,6 - 5,0	4	0,5	1,1
LS/AC	2,2	2,4	2,1	2,3	2,2	2,2	2,1 - 2,4	2	0,1	0,2
AC/LS%	44,6	41,9	47,1	43,6	44,6	45,6	41,9 - 47,1	45	1,8	3,5
LC/LS%	32,0	34,4	38,9	35,9	38,3	35,7	32,0 - 38,9	36	2,5	5,1
LM/LC%	35,7	35,9	37,0	36,9	38,8	35,4	35,4 - 38,8	37	1,3	2,5
LaP/LC%	42,9	39,1	39,5	43,1	38,8	43,1	38,8 - 43,1	41	2,1	4,3
N° de radios de la aleta dorsal (N°RaD)	64	65	62	63	63	62	62 - 65	63	1,2	2,3
N° de radios de la aleta anal (N°RaA)	49	49	48	52	50	49	48 - 52	50	1,4	2,8
N° de branquiespinas rama superior (N°BrS)	-	-	-	-	5	-	-	-	-	-
N° de branquiespinas rama inferior (N°BrI)	-	-	-	-	10	-	-	-	-	-

Tabla 35.- Posiciones nucleotídicas de los sitios polimórficos identificados en 628 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Hippoglossina macrops*.
(●) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de colecta	Posición nucleotídica					
	219	312	477	483	504	516
BG-25-IMARPE	A	G	T	G	G	G
BG-26-IMARPE	●	A	●	A	●	●
BG-27-IMARPE	●	●	C	A	●	●
BG-28-IMARPE	G	●	●	●	●	A
BG-29-IMARPE	●	●	●	●	A	A
BG-30-IMARPE	●	●	●	A	●	●

Tabla 36.- Porcentajes de identidad y similitud de los mejores hits obtenidos de la comparación entre las secuencias nucleotídicas de BG-25 a BG-30 con las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponder a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

#	Código de colecta	BOLD Systems		GenBank-NCBI				
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)	E-value	Número accesión
1	BG-25-IMARPE	<i>Hippoglossina</i> (98,6)	<i>H. stomata</i> * (98,57)	<i>H. stomata</i>	99	95	0	JQ354124
2	BG-26-IMARPE	<i>Hippoglossina</i> (98,6)	<i>H. stomata</i> * (98,65)	<i>H. stomata</i>	99	97	0	JQ354124
3	BG-27-IMARPE	<i>Hippoglossina</i> (98,3)	<i>H. stomata</i> * (98,35)	<i>H. stomata</i>	98	97	0	JQ354124/25
4	BG-28-IMARPE	<i>Hippoglossina</i> (98,3)	<i>H. stomata</i> * (98,35)	<i>H. stomata</i>	98	97	0	JQ354124/25
5	BG-29-IMARPE	<i>Hippoglossina</i> (98,3)	<i>H. stomata</i> * (98,35)	<i>H. stomata</i>	98	98	0	JQ354124/25
6	BG-30-IMARPE	<i>Hippoglossina</i> (98,4)	<i>H. stomata</i> * (98,56)	<i>H. stomata</i>	99	100	0	JQ354124

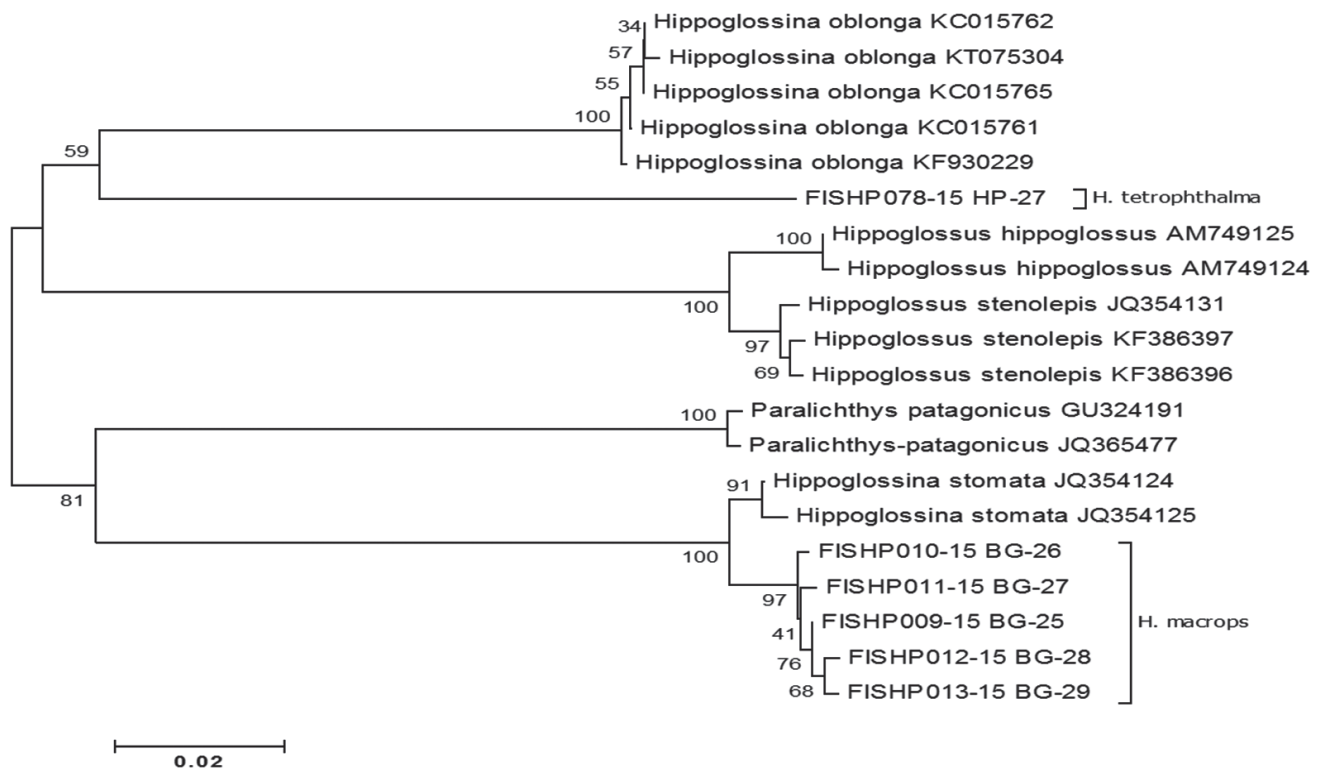


Figura 32.- Árbol NJ basado en secuencias del gen COI de *Hippoglossina macrops* (BG-25 a BG-30) y de otras especies emparentadas obtenidas del GenBank

Tabla 37.- Secuencias nucleotídicas, composición y representación del código de barras de ADN de *Hippoglossina macrops* (BG-25 a BG-30) incorporadas en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb				
BG-25	A (152) G (121) C (174) T (211)	CACCCTTATCTCGTATTGGTGCCTGGGCCGGA- ATAGTGGGGACAGCTCTAAGCTGCTCATTGAG- CAGAACITAGCCAACCTGGAGCCCTTTAGGAGA- CGACCAGATTATAATGTAATCGTCACCGCACAC- GCTTTTGTATAATCTTTTATAGTTATACCAATTAT- GATTGGGGTTTTGGAAACTGACTTATCCCTA- ATAATTGGGGCCAGACATAGCATTCCCTCGTAT- GAATAACATAAAGCTTTTGACTCTTACCACCATCA- TTCTGCTTCTCCTAGCTTCTCAGGTGTGAAGCT- GGGGCCGCTACTGGCTGAACTGTCTACCCACCC- TTGCAAGCAATCTGCACATGCCGGGGCATCCGTA- GACTTAACCATCTTTCACTTCACCTTGCGGGAAT- TTCATCAATCTGGGTGCTATTAATTTTATACCACT- GTGATTAATATGAAACCTCCGCTGTACTATGTAC- CAAATCCCTTATTGTGTGAGCCGCTACTGATTACA- GCCCTCCTCTACTTCTTTCTTACCAGTCTGGC- CGCTGTATTACTATACTCCTCAGATCGTAATC- TAAACACGACATTCTTTGACCCCGCTGGAGGAGT- GATCCTATCCTTTATCAACACCTTTTC		FISHP 009-15
Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb				
BG-26	A (154) G (119) C (174) T (211)	CACCCTTATCTCGTATTGGTGCCTGGGCCGGA- TAGTGGGGACAGCTCTAAGCTGCTCATTGAGCA- GAACITAGCCAACCTGGAGCCCTTTAGGAGAC- GACCAGATTATAATGTAATCGTCACCGCACACGC- TTTTGTATAATCTTTTATAGTTATACCAATTATGA- TTGGGGTTTTGGAAACTGACTTATCCCTAATA- ATTGGGGCCAGACATAGCATTCCCTCGTATGAA- TAACATAAAGCTTTTGACTCTTACCACCATCATTCT- GCTTCTCCTAGCTTCTCAGGTGTGAAGCTGGAGC- CGGACTGGCTGAACTGTCTACCCACCCCTTGAAG- CAATCTTGCACATGCCGGGGCATCCGTAGACTAAC- CATCTTTCACTTCACCTTGCGGGAATTCATCAA- TTCTGGGTGCTATTAATTTTATACCACTGTGATTA- TATGAAACCTCCGCTGTACTATATACCAATCCCT- TATTGTGTGAGCCGCTACTGATTACAGCCGCTCTCC- TACTTCTTCTTACCAGTCTGGGGCCGCTGTAATAC- TATACCTCTCACAGATCGTAATCTAAACCGACA- TTCTTTGACCCCGCTGGAGGAGTATCCTATCCTT- TATCAACACCTTTTC		FISHP 010-15

BG-27	<p>A (153) G (120) C (175) T (210)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCCTTATCTCGTATTGGTGCCTGGGCCGGA- ATAGTGGGGACAGCTCTAAGCCTGCTCATTGCGA- CAGAACTTAGCCAACCTGGAGCCCTTTAGGAGA- CGACCAGATTATAATGTAATCGTCACCCACAC- CGCTTTGTAATAATCTTTTATAGTATACCAATTAT- CATTGGGGTTTTGGAAACGTGACTTATCCCTA- ATAATTGGGGCCCAGACATAGCATTCCCTCGTAT- GAATAACATAAGCTTTTGACTCTTACCCACATCA- TTCTGCTTCTCCTAGCTTCTCAGGTGTTGAAGCT- GGGGCCGTACTGGCTGAACCTGCTACCCACCC- TTGCAAGCAATCTGCACATGCCGGGGCATCCGTA- GACTTAACCACTTTTCACTTCACTTGCGGGAAT- TTCATCAATTCTGGGTGCTATAATTTATTACCACT- GTGATTAATATGAAACCTCCGTCTGTCACTATATAC- CAAATCCCCTATTGTGTGAGCCGTACTGATTACA- GCCGTCCCTACTTCTTTTACCAGTCTGGC- CGTGTGATTACTATACTCTCAGATCGTAATC- TAAACACGACATTTTGACCCCGTGGAGGAGGT- GATCCTATCCTTATCAACACCTTTTC</p>		FISHP 011-15
BG-28	<p>A (152) G (121) C (174) T (211)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCCTTATCTCGTATTGGTGCCTGGGCCGGA- ATAGTGGGGACAGCTCTAAGCCTGCTCATTGCGA- CAGAACTTAGCCAACCTGGAGCCCTTTAGGAGA- CGACCAGATTATAATGTAATCGTCACCCACAC- CGCTTTGTAATAATCTTTTATAGTATACCAATTAT- GATTGGGGTTTTGGAAACGTGACTTATCCCTA- ATAATTGGGGCCCAGACATAGCATTCCCTCGTAT- GAATAACATAAGCTTTTGACTCTTACCCACATCA- TTCTGCTTCTCCTAGCTTCTCAGGTGTTGAAGCT- GGGGCCGTACTGGCTGAACCTGCTACCCACCC- TTGCAAGCAATCTGCACATGCCGGGGCATCCGTA- GACTTAACCACTTTTCACTTCACTTGCGGGAAT- TTCATCAATTCTGGGTGCTATAATTTATTACCACT- GTGATTAATATGAAACCTCCGTCTGTACTATGTAC- CAAATCCCCTATTGTGTGAGCCGTACTAATTACA- GCCGTCCCTACTTCTTTTACCAGTCTGGC- CGTGTGATTACTATACTCTCAGATCGTAATC- TAAACACGACATTTTGACCCCGTGGAGGAGGT- GATCCTATCCTTATCAACACCTTTTC</p>		FISHP 012-15
BG-29	<p>A (154) G (119) C (174) T (211)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCCTTATCTCGTATTGGTGCCTGGGCCGGA- TAGTGGGGACAGCTCTAAGCCTGCTCATTGCGA- GAACTTAGCCAACCTGGAGCCCTTTAGGAGAC- GACCAGATTATAATGTAATCGTCACCCACACCG- TTTTGTAATAATCTTTTATAGTATACCAATTATGA- TTGGGGTTTTGGAAACGTGACTTATCCCTAATA- ATTGGGGCCCAGACATAGCATTCCCTCGTATGAA- TAACATAAGCTTTTGACTCTTACCCACATCATTCT- GCTTCTCCTAGCTTCTCAGGTGTTGAAGCTGGGG- CGGTACTGGCTGAACCTGCTACCCACCCCTGCAA- GCAATCTTGCAATGCCGGGGCATCCGTAGACT- TAACCACTTTTCACTTCACTTGCGGGAATTTAT- CAATCTGGGTGCTATAATTTATTACCACTGTGA- TTAATATGAAACCTCCGTCTGTACTATGTACCAA- ATCCCCTATTGTATGAGCCGTACTAATTACAGCC- GTCTTCTACTTCTTTTACCAGTCTGGCCGCTG- CTATTACTATCTCCACAGATCGTAATCAAAACA- CGCAHTCTTTGACCCCGTGGAGGAGGTGATCC- TATCCTTATCAACACCTTTTC</p>		FISHP 013-15
BG-30	<p>A (153) G (120) C (174) T (211)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCCTTATCTCGTATTGGTGCCTGGGCCGGA- TAGTGGGGACAGCTCTAAGCCTGCTCATTGCGA- GAACTTAGCCAACCTGGAGCCCTTTAGGAGAC- GACCAGATTATAATGTAATCGTCACCCACACCG- TTTTGTAATAATCTTTTATAGTATACCAATTATGA- TTGGGGTTTTGGAAACGTGACTTATCCCTAATA- ATTGGGGCCCAGACATAGCATTCCCTCGTATGAA- TAACATAAGCTTTTGACTCTTACCCACATCATTCT- GCTTCTCCTAGCTTCTCAGGTGTTGAAGCTGGGG- CGGTACTGGCTGAACCTGCTACCCACCCCTGCAA- CAATCTTGCAATGCCGGGGCATCCGTAGACTAAC- CATCTTTTCACTTCACTTGCGGGAATTTATCAA- TTCTGGGTGCTATAATTTATTACCACTGTGATTA- TATGAAACCTCCGTCTGTACTATATACCAAATCCC- TATTGTGTGAGCCGTACTGATTACAGCCGTCTCC- TACTTCTTTTACCAGTCTGGCCGCTGGTATTAC- TACTCTCTACAGATCGTAATCAAAACGACA- TTCTTTGACCCCGTGGAGGAGGTGATCCTATCCT- TATCAACACCTTTTC</p>		FISHP 014-15

Hippoglossina tetrophthalma (Gilbert, 1890) "lenguado de cuatro ocelos" (Fig. 33)


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Pleuronectiformes	
Familia : Paralichthyidae	
Género : <i>Hippoglossina</i>	
Especie : <i>Hippoglossina tetrophthalma</i> (Gilbert, 1890)	
Código Colección Científica: IMARPE015819	

Figura 33.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE del ejemplar de *Hippoglossina tetrophthalma*

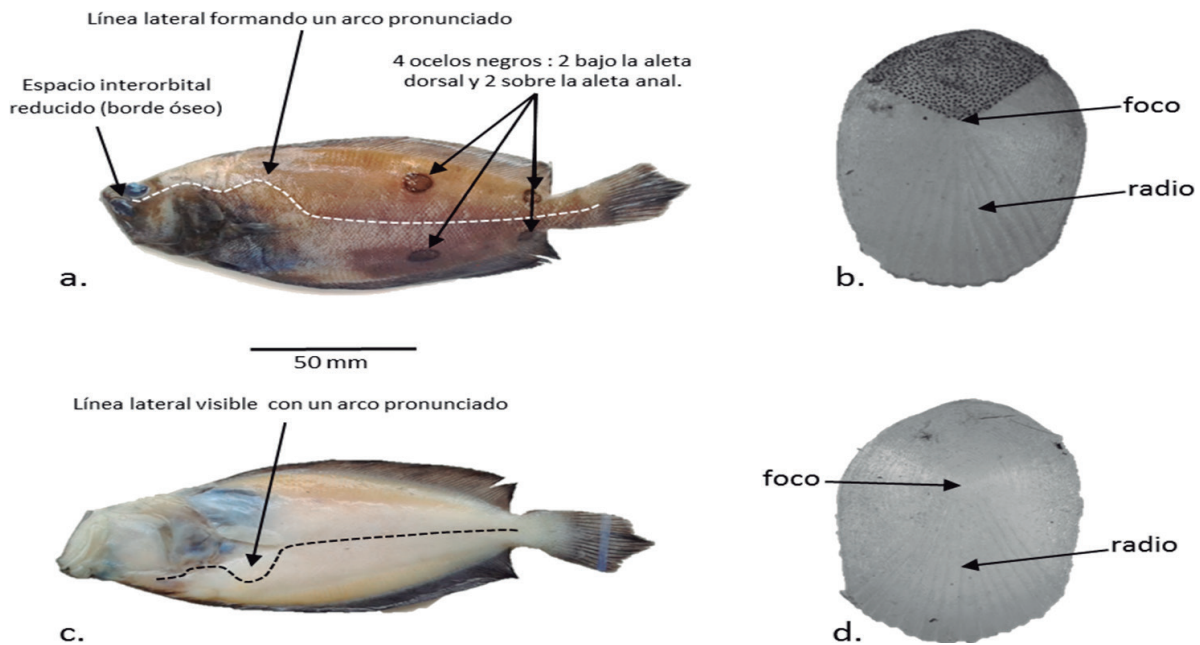


Figura 34.- *Hippoglossina tetrophthalma*. Forma de la línea lateral: lado ocular (a) y lado ciego (c). Escamas cicloideas: lado ocular (b) y lado ciego (d)

Análisis morfométrico y merístico

El cuerpo es color café en toda su extensión con 4 manchas redondas (ocelos) de color negro sobre la mitad posterior del cuerpo distribuidas en dos bajo la aleta dorsal y dos sobre la aleta anal. Presenta escamas cicloideas en ambos lados del cuerpo (Fig. 34).

En la Tabla 38 se presentan las mediciones del cuerpo, conteos de los caracteres merísticos y algunas proporciones del ejemplar de *Hippoglossina tetrophthalma*.

Análisis molecular

Se colectó un individuo obteniendo una secuencia nucleotídica de 641 pb con un contenido C+G de 47,74%. Se logró identificar molecularmente a la

Tabla 38.- Caracteres morfométricos, merísticos y proporciones del ejemplar de *Hippoglossina tetrophthalma*

Medición	Código de espécimen HP-27
Longitud total (LT) (mm)	179
Longitud estándar (LS) (mm)	143
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	44
Altura o ancho del cuerpo (AC) (mm)	56
Longitud de la aleta pectoral (LaP) (mm)	20
Longitud de la maxila (LM) (mm)	19
Diámetro mayor del ojo (DO) (mm)	9
Diámetro menor del ojo (dO) (mm)	6
LC/DO	4,9
LS/AC	2,6
AC/LS%	39,2
LC/LS%	30,8
LM/LC%	43,2
LaP/LC%	45,5
N° de radios de la aleta dorsal (N°RaD)	82
N° de radios de la aleta anal (N°RaA)	60
N° de branquiespinas rama superior (N°BrS)	2
N° de branquiespinas rama inferior (N°BrI)	9

especie como *Hippoglossina tetrophthalma* en base a la comparación de secuencias con el BOLD con 100% de identidad (Tabla 39). La distancia genética y el dendograma NJ construido utilizando 628 pb separaron adecuadamente a *H. tetrophthalma* de otras

especies del género, mostrando una distancia genética con *H. macrops* de 2,71% y con *H. oblonga* de 4,56% (Fig. 35). La secuencia fue incorporada a la base de datos del iBOL, registrándose con el DNA Barcode FISHP078-15 (Tabla 40).

Tabla 39.- Porcentajes de identidad o similitud del mejor hit obtenido de la comparación entre la secuencia nucleotídica de HP-27-IMARPE con las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponder a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = Similitud, I = Identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

#	Código colecta	BOLD Systems		GenBank - NCBI			Número de Acceso	
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)		E-value
1	HP-27-IMARPE	<i>Hippoglossina</i> (100)	<i>H. tetrophthalma</i> (100)	<i>H. oblonga</i> *	85	95	0.0	KF930229/ KC015761/ 65/62/63

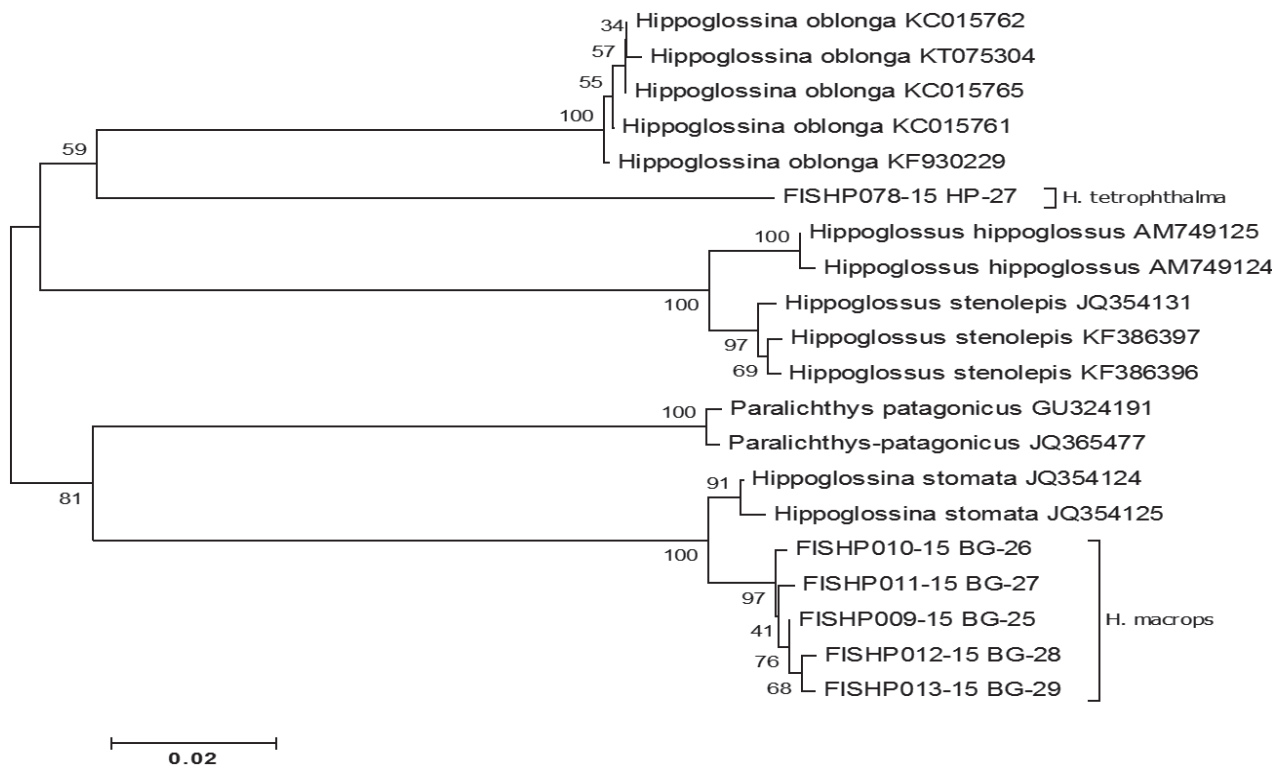


Figura 35.- Árbol de NJ basado en secuencias del gen COI de *Hippoglossina tetrophthalma* (HP-27) y otras especies del género obtenidas de GenBank

Tabla 40.- Código de identificación de *Hippoglossina tetrophthalma* (HP-27) incorporado en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
HP-27-IMARPE	A (154) G (119) C (187) T (181)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 641pb CACCCITTTATCTCGTATTGGTGCCTGAGCCGGAATAGTGGGA-CAGCCCTAAGTTACTTATCCGGGAGAACTAAGCCCAACCCGAGCCCTCTGGGGGACGACAGATTATAATGTAATCGTACCCGACACCGCTTGAATAATCTTTTTCATAGTAATACCTATATGATTGGGGGCTCGGAAACTGACTTATCCCACTAATAATCGGAGCCCGGACATGGCATTCCCTCGAATGAATAATATAAGCTTTTGACTCTGCCCCCTCATTTTACTCTTTTAGCCTCTTCAGGTGTCGAAGAGGAGCCGGCACTGGGTGAACCGTATACCCCTCTAGCCAGCAACCTAGCCATGCCGGCCATCAGTAGACCTGACTATCTTCACTTCACTCGCAGGGATTTCTCGATTTTAGGGGCTATCAATTTTACTACTGTAATCAACA-TAAAACCCCGACTGTTACCATATATCAAAATCCCATTTATTCGTCGGCCGTACTCAATCAGCCGCTTTTACTCTTATCCCTACCAGTCTA-GCTGCTGGGATTACAATACTTCTCACAGACCGTAATTTAAACACTACTTCTTTGACCCAGCCGGAGGGGGGACCCATCT		FISHP078-15

Engyophrys sanctilaurentii Jordan y Bollman, 1890 “lenguado de cola manchada” (Fig. 36)

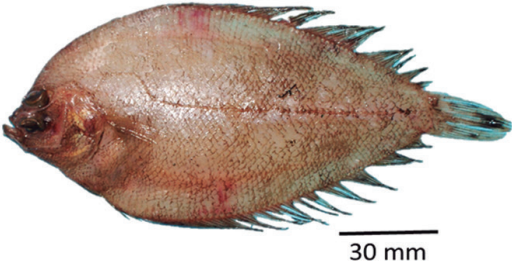
Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Pleuronectiformes	
Familia : Bothidae	
Género : <i>Engyophrys</i>	
Especie : <i>Engyophrys sanctilaurentii</i> (Jordan&Bollman, 1890)	Código Colección Científica: IMARPE015818

Figura 36.- Clasificación taxonómica y código de ingreso a la colección científica del IMARPE del ejemplar de *Engyophrys sanctilaurentii*

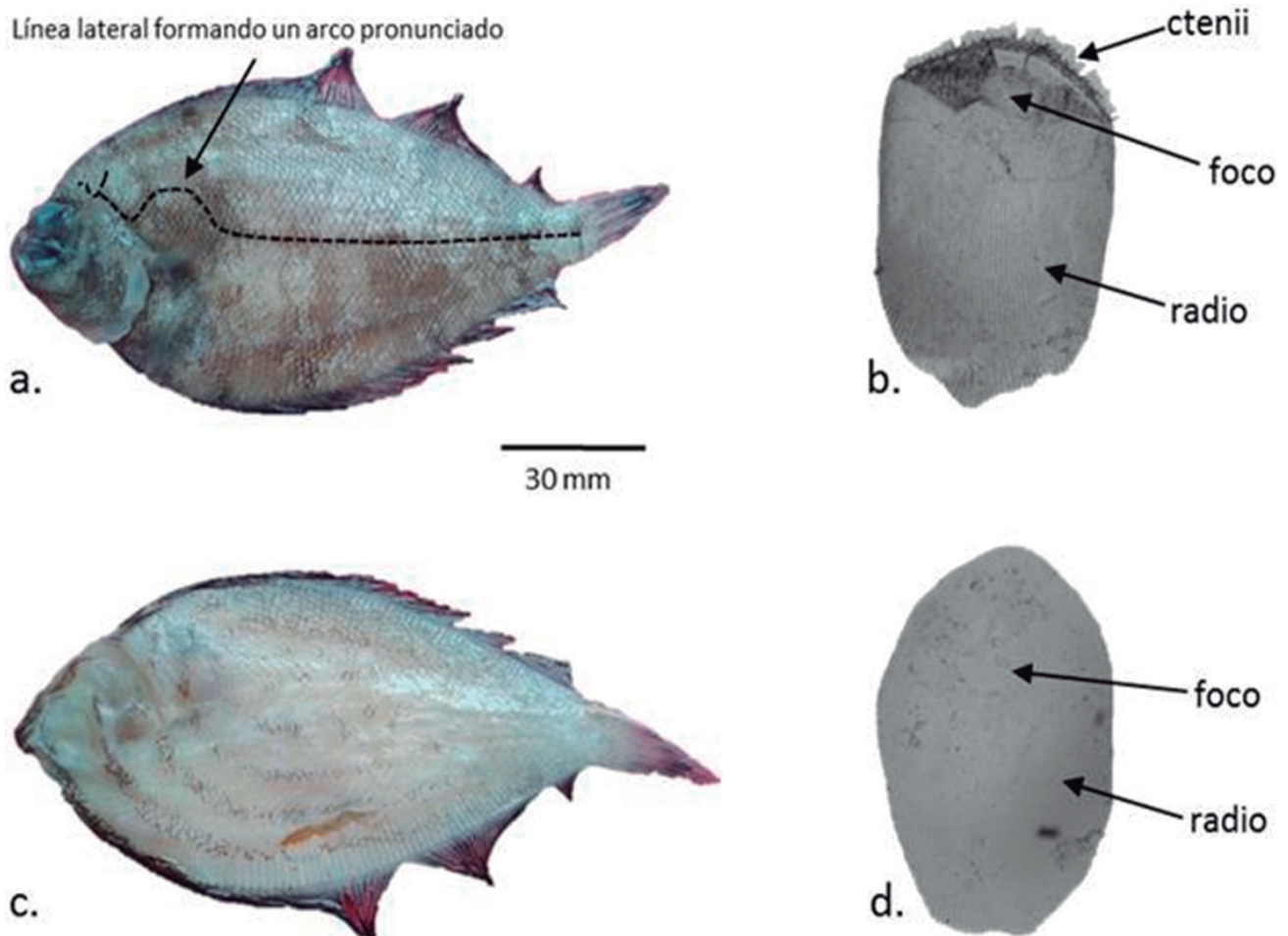


Figura 37.- *Engyophrys sanctilaurentii*. Forma de la línea lateral: lado ocular (a) y lado ciego (c). Tipo de escamas: lado ocular ctenoidea (b) y lado ciego cicloidea (d)

Análisis morfométrico y merístico

Las escamas son del tipo ctenoidea en el lado ocular y del tipo cicloidea en el lado ciego (Fig. 37). En la Tabla 41 se presentan las mediciones y caracteres merísticos de *E. sanctilaurentii*.

Análisis molecular

Se obtuvo una secuencia nucleotídica de 658 pb con un contenido C+G de 48,18%. Su comparación con la base de datos BOLD System permitió identificar molecularmente al ejemplar como *E. sanctilaurentii*

con 99,85% de identidad comparando con secuencias almacenadas en BOLD. Sin embargo, también se obtuvieron valores altos de identidad (99%) con *Bothus leopardinus* al compararlo con el GenBank (Tabla 42).

Luego del alineamiento múltiple de la secuencia obtenida con otras de la misma especie registrada en

el BOLD se identificaron 6 sitios polimórficos únicos (Tabla 43). A partir del análisis de agrupamiento considerando secuencias de 645 pb se observó que *E. sanctilaurentii* forma un solo clado con un bootstrap de 88% (Fig. 38). La secuencia incorporada en el iBOL se encuentra registrada con el DNA Barcode FISHP006-15 (Tabla 44), siendo el primer registro de la especie en el BOLD.

Tabla 41.- Caracteres morfométricos y merísticos del ejemplar de *Engyophrys sanctilaurentii*

Medición	Código de espécimen
Longitud total (LT) (mm)	141
Longitud estándar (LS) (mm)	117
Longitud de la cabeza (LC) (mm)	28
Altura o ancho del cuerpo (AC) (mm)	59
Longitud de la aleta pectoral (LaP) (mm)	12
Longitud de la maxila (LM) (mm)	7
Diámetro mayor del ojo (DO) (mm)	8
Diámetro menor del ojo (dO) (mm)	6
N° de radios de la aleta dorsal (N°RaD)	82
N° de radios de la aleta anal (N°RaA)	67
N° de branquiespinas rama superior (N°BrS)	4
N° de branquiespinas rama inferior (N°BrI)	3

Tabla 42.- Porcentajes de identidad o similitud del mejor hit obtenido de la comparación entre HP67 con las secuencias de las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponder a la especie cuando se 100%. T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

#	Código colecta	BOLD Systems		GenBank-NCBI			Número acesión
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)	
1	HP67	<i>Engyophrys</i> (100)	<i>E. sanctilaurentii</i> (99,85)	<i>Bothus leopardinus</i>	99	94	0 EU513617/16

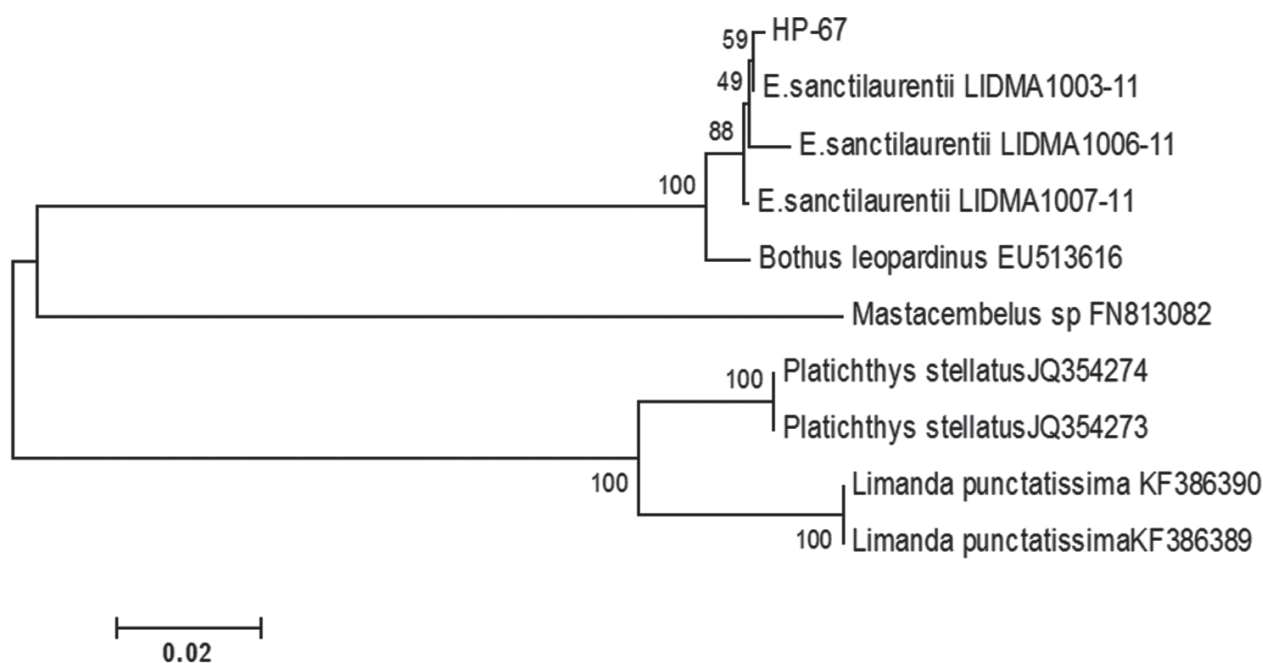


Figura 38.- Árbol NJ basado en la secuencia del gen COI de *Engyophrys sanctilaurentii* (HP-67) y de otras especies emparentadas obtenidas del GenBank

Tabla 43.- Posiciones nucleotídicas de sitios polimórficos identificados en 645 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Engyophrys sanctilaurentii* (HP-67). (•) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de secuencia	Posición nucleotídica					
	37	211	244	304	325	577
HP-67	G	C	T	C	A	G
<i>E. sanctilaurentii</i> LIDMA 1003-11	•	•	C	•	•	•
<i>E. sanctilaurentii</i> i LIDMA 1007-11	•	•	C	T	•	•
<i>E. sanctilaurentii</i> LIDMA 1006-11	C	T	C	•	G	A

Tabla 44.- Código de identificación de *Engyophrys sanctilaurentii* (HP-67) incorporado en la base de datos del iBOL

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
HP-67	A (151) G (124) C (193) T (190)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb		FISHP 006-15
		<p>CACCCTTTATTAGTATTCGGTGCTGAGCTGCTATAGTGGGAACCTGCAC-TAAGCCTCCTTATTCGTGCAGAGCTCAGCCAACCGGGAGCCCTCCTGG-GAGACGACCAAATTTATAACGTCATCGTTACGGCCACGCTTTCGTCATA-ATCTCTTCATAGTAATACCAATTATAATTGGGGGCTTCGGGAACCTGAC-TTATCCCTCTCAIGGTCGGGGCCAGATATAGCCTTCCACGAATAAA-TAATAAAGCTTCTGACTTCTCCCTCCCTTCTCTTTTACCTGGCCCT-TTCAGGGTTCGAGGCTGGGGCAGGAACAGGATGAACCGTTTACCCCC-CACFAGCAGGTAACCTTGCCACGCTGGAGCCTCAGTTGATCTCACAA-TTTTCTCCCTCCACTTGGCAGGATTTTCATCTATCTTGGGGCAATTAAC-TTATCACAAACCAITTTCAAACATAAAACCAGCAGCAATATCAATGTAC-CAAATTCACCTCTTCGTTGGGCTGACTTATTACCGCTGACTACTTCT-GCTCTCTTCCAGTCTTAGCCGCTGGGATTACAATGCTGTAACAGACCG-CAACCTGAATACCACCTTCTTGACCCGGCCGGGGTGGGACCCAATTC-TTACCAACACTTATTC</p>		

Monolene maculipinna Garman, 1899 “lenguado de aguas profundas” (Fig. 39)


Reino : Animalia	
Phylum : Chordata	
Clase : Actinopterygii	
Orden : Pleuronectiformes	
Familia : Bothidae	
Género : <i>Monolene</i>	
Especie : <i>Monolene maculipinna</i> Garman, 1899	

Figura 39.- Clasificación taxonómica de *Monolene maculipinna***Análisis morfométrico y merístico**

Dado que los seis ejemplares colectados fueron extraviados durante el traslado al laboratorio no se pudo realizar el análisis morfométrico y merístico. Por lo que la descripción se basó en los datos tomados en campo. Se consideraron los principales aspectos como ausencia de la aleta pectoral a nivel del lado ciego del ejemplar, además de presentar los ojos bastante juntos entre sí. Otra característica importante fue la presencia de una línea lateral arqueada a nivel del lado ocular mientras que en el lado ciego fue recta. La forma y posición de las aletas pélvicas fueron diferentes denotando una asimetría importante entre ellas.

Análisis molecular

Se alinearon secuencias de 658 pb de 6 individuos mostrando un contenido C+G de 50,2%. Asimismo, se determinaron 4 sitios polimórficos únicos (Tabla 45). Se logró identificar molecularmente a la especie como *Monolene maculipinna* en base a la comparación de secuencias con el BOLD (con un 99% de identidad) y no con GenBank-NCBI (Tabla 46). Se obtuvo un árbol a partir de la comparación de secuencias con otras especies (no encontrándose de libre acceso otras secuencias de esta especie almacenadas en el BOLD),

Tabla 45.- Posiciones nucleotídicas de los sitios polimórficos identificados en 591 pb de la región COI-5P del ADN mitocondrial de *Monolene maculipinna* (HP-21 a HP-26). (•) Indica igualdad de nucleótido respecto a la primera fila

Código de secuencia	Posición nucleotídica			
	219	441	474	534
HP -21 -IMARPE	C	G	C	C
HP -22 -IMARPE	•	•	•	•
HP -23 -IMARPE	•	•	•	•
HP -24 -IMARPE	A	•	•	•
HP -25 -IMARPE	•	A	•	T
HP -26 -IMARPE	•	•	T	•

obteniendo un valor de bootstrap de 96% para la especie, claramente diferenciada de *M. sessilicauda*.

Todos los especímenes analizados colectados en este estudio formaron un solo clado, con un porcentaje de bootstrap de 100%. La distancia intraespecífica fue de 0,6%, mientras que la distancia interespecífica con *M. sessilicauda* de 2% (Fig. 40). Todas las secuencias fueron incorporadas a la base de datos del iBOL generándose los números de código de registro y los códigos de barras correspondientes (Tabla 47).

Tabla 46.- Porcentajes de identidad o similitud de los mejores hits obtenidos de la comparación entre HP-21 a HP-26 con las bases de datos BOLD Systems y GenBank. Se considera corresponden a la especie cuando se obtienen valores de identidad de 99-100%. T= tamaño de secuencia; S = similitud, I = identidad, C = cobertura. (*) Comparaciones con bajos valores de identidad

#	Código colecta	BOLD Systems		GenBank-NCBI			Número accesión	
		Género (%S)	Especie (%S)	Especie	I (%)	C (%)		E-value
1	HP-21	<i>Monolene</i> (100)	<i>M. maculipinna</i> (99,85)	<i>M. sessilicauda</i> *	85	93	0	KC015698/97/95/96
2	HP-22	<i>Monolene</i> (100)	<i>M. maculipinna</i> (99,85)	<i>M. sessilicauda</i> *	85	92	0	KC015698/97/95/96
3	HP-23	<i>Monolene</i> (100)	<i>M. maculipinna</i> (99,85)	<i>M. sessilicauda</i> *	85	94	0	KC015698/97/95/96
4	HP-24	<i>Monolene</i> (100)	<i>M. maculipinna</i> (100)	<i>M. sessilicauda</i> *	85	95	0	KC015698/97/95/96
5	HP-25	<i>Monolene</i> (100)	<i>M. maculipinna</i> (99,54)	<i>M. sessilicauda</i> *	85	95	0	KC015698/97/95/96
6	HP-26	<i>Monolene</i> (100)	<i>M. maculipinna</i> (99,69)	<i>M. sessilicauda</i> *	85	93	0	KC015698/97/95/96

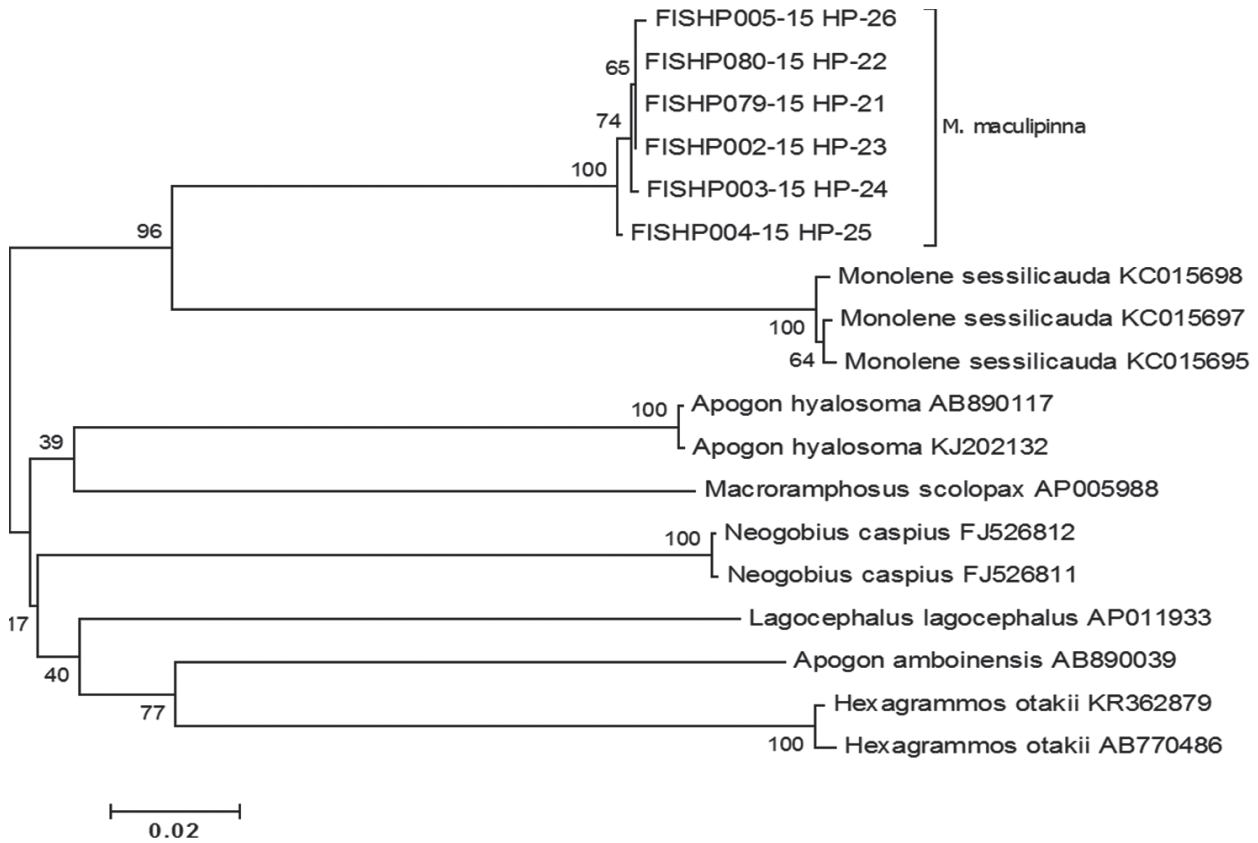


Figura 40.- Árbol NJ basado en las secuencias de COI de *Monolene maculipinna* (HP-21 a HP-26), incluyendo otras secuencias obtenidas del GenBank

Tabla 47.- Códigos de identificación de *Monolene maculipinna* (HP-21 a HP-26) incorporadas en la base de datos del iBOL (código BOLD)

Código de colecta (tejido)	Composición nucleotídica	Secuencia nucleotídica,	Representación del Código de Barras de ADN	DNA Barcode
HP 21	A (151) G (138) C (195) T (174)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTTTATCTGTATTCCGGTCTTGAGCTGGAATAG-TAGGGACTGCACTAAGCCTCCTAATTCGAGCAGAAT-TAAGCCAGCCCGGTGCGCTCCTCGGAGATGACCAAGAT-TATAATGTGATTGTACAGCCACGCATTCTGTAATGAT-CTCTTTATAGTAATAACCAATCATGATTGGGGCTTCGG-CAACTGACTTATCCCTCATGGTGGGGGGCCGGACAT-GGCATTCCCCCGAATGAATAATAAGCTTTTGACTCCT-GCCACCTTTTCTACTCTCTCGCTCCTCTGGGGTA-GAAGCAGGGGCGGAACCGGGTGGACCGTCTACCCCC-CACTAGCAGGAAACCTAGCCATGACGGGGATCCGT-CGACTTGACAATTTTCTCGCTTCACTTGGGGAAATTCATCTATCTGGGGGCTATCAATTCATCAGCACCATC-TTCAAATGAAACCCAGCAGCTATGACCATATACCAA-ATCCCTTATCTGTGGGAGTACTAATCACAGCTGT-GCTCCTACTTCTCTACTCCCGTTCTAGCTGGGGCAT-CACAATGCTCTCACAGATCGGAATTTAAACACTACC-TTCTTTGACCTTGCAGGGGAGGGGACCCAATCCTA-TACCAACACCTAATTC		FISHP 079-15
HP 22	A (151) G (138) C (195) T (174)	Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb CACCCTTTATCTGTATTCCGGTCTTGAGCTGGAATAG-TAGGGACTGCACTAAGCCTCCTAATTCGAGCAGAAT-TAAGCCAGCCCGGTGCGCTCCTCGGAGATGACCAAGAT-TATAATGTGATTGTACAGCCACGCATTCTGTAATGAT-CTCTTTATAGTAATAACCAATCATGATTGGGGCTTCGG-CAACTGACTTATCCCTCATGGTGGGGGGCCGGACAT-GGCATTCCCCCGAATGAATAATAAGCTTTTGACTCCT-GCCACCTTTTCTACTCTCTCGCTCCTCTGGGGTA-GAAGCAGGGGCGGAACCGGGTGGACCGTCTACCCCC-CACTAGCAGGAAACCTAGCCATGACGGGGATCCGT-CGACTTGACAATTTTCTCGCTTCACTTGGGGAAATTCATCTATCTGGGGGCTATCAATTCATCAGCACCATC-TTCAAATGAAACCCAGCAGCTATGACCATATACCAA-ATCCCTTATCTGTGGGAGTACTAATCACAGCTGT-GCTCCTACTTCTCTACTCCCGTTCTAGCTGGGGCAT-CACAATGCTCTCACAGATCGGAATTTAAACACTACC-TTCTTTGACCTTGCAGGGGAGGGGACCCAATCCTA-TACCAACACCTAATTC		FISHP 080-15

HP 23	<p>A (151) G (138) C (195) T (174)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>AATTCGAGCAGAATTAAGCCAGCCGGTGGCTCCTC- GGAGATGACAGATTATAATGTGATTGTACAGCCCA- CGCATTCGTAATGATCTTTTATAGTAATACCAATCAT- GATTGGGGGCTTCGGCAACTGACTTATCCCTCATGGT- GGGGGCCCGGACATGGCATTCCCCGAATGAATAATA- TAAGCTTTTACTCTGCCACCTTCTTCTACTCTCTCT- CGCTCCTGTTGGGTAGAACGAGGGGCCGGAACCGG- GTGGACCGTCTACCCCTACTAGCAGGAAACCTAGCC- CATGACGGGCATCCGTCGACTTGACAATTTTCTCGCTT- CATCTTGGGGAAATTTCACTATCTGGGGGCTATCAAT- TTCATCAGGACATCTTCAACATGAAACCAGCAGCAT- GACCATATACCAAATCCCTTATTCGTGTGGCAGTAC- TAATCAGAGCTGTGCTCTACTTCTCTACTCCCGTTC- TAGCTGGGGCATACAATGCTCTCACAGATCGGAA- TTAAACACTACTTCTTACCCTGCGGGGGAGGG- GACCAATCTATACCAACCTATT</p>		<p>FISHP 002-15</p>
HP 24	<p>A (152) G (138) C (194) T (174)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCTTTATCTGTATTGGTGTGAGCTGGAATAG- TAGGGA CTGCACTAAGCCTCCTAATTCGAGCAGAAT- TAAGCCAGCCGGTGGCTCCTCGGAGATGACAGAT- TTATAATGTGATTGTACAGCCACGCTTCGTAAT- GATCTTTTATAGTAATACCAATCATGATTGGGGGCTT- CGCAACTGACTTATCCCTAATGGTGGGGGCCGCG- GACATGGCATTCCCCGAATGAATAATAAAGCTTTT- GACTCTGCCACCTTCTTCTACTCTCTCGCTCCTC- TGGGTGAGAAGCAGGGGCCGGAACCGGGTGGACCGTC- TACCCCTACTAGCAGGAAACCTAGCCATGCAGGG- GCATCCGTGACTTGACAATTTCTCGCTCATCTTGC- GGAAATTTATCTATCTGGGGGCTATCAATTTATCAC- GACCATCTTCAACATGAAACCAGCAGCTATGACCAATA- TACAAATCCCTATCTGTGTGGCAGTACTAATCA- GCTGTCTTACTTCTCTACTCCCTTCTAGCTCGG- GGCATACAATGCTCTCACAGATCGGAATTAACAC- TACCTTTTACCCTGCGGGGGAGGGGACCAATCC- TATACCAACCTATT</p>		<p>FISHP 003-15</p>
HP 25	<p>A (152) G (137) C (194) T (175)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCTTTATCTGTATTGGTGTGAGCTGGAATAG- TAGGGA CTGCACTAAGCCTCCTAATTCGAGCAGAAT- TAAGCCAGCCGGTGGCTCCTCGGAGATGACAGAT- TTATAATGTGATTGTACAGCCACGCTTCGTAATGAT- CTTTTATAGTAATACCAATCATGATTGGGGGCTTCGG- CACTGACTTATCCCTCATGGTGGGGGCCGCGACAT- GGCATTCCCCGAATGAATAATAAAGCTTTTGAATCTCT- GCCACCTTCTTCTACTCTCTCGCTCCTCTGGGGTA- GAAGCAGGGGCCGGAACCGGTGGACCTTACTACCC- CACTAGCAGGAAACCTAGCCATGCAGGGGCATCCCT- CGACTTGACAATTTCTCGCTCATCTGGGGAAATTT- CATCTATCCFAGGGGCTATCAATTTATCAGGACCAT- TTCAACATGAAACCAGCAGCTATGACCATATACCAA- ATCCCTTATTCGTGTGGCAGTACTAATACAGCTGT- GCTCTACTTCTCTACTCCCGTCTAGCTGCGGGCAT- CACAAATGCTCTCACAGATCGGAATTAACACTACC- TTCTTTGACCCTGCGGGGGAGGGGACCAATCTTA- TACCAACCTATT</p>		<p>FISHP 004-15</p>
HP 26	<p>A (151) G (138) C (194) T (175)</p>	<p>Región: COI-5P - Tamaño de secuencia: 658pb</p> <p>CACCCTTTATCTGTATTGGTGTGAGCTGGAATAG- TAGGGA CTGCACTAAGCCTCCTAATTCGAGCAGAAT- TAAGCCAGCCGGTGGCTCCTCGGAGATGACAGAT- TTATAATGTGATTGTACAGCCACGCTTCGTAATGAT- CTTTTATAGTAATACCAATCATGATTGGGGGCTTCGG- CACTGACTTATCCCTCATGGTGGGGGCCGCGACAT- GGCATTCCCCGAATGAATAATAAAGCTTTTGAATCTCT- GCCACCTTCTTCTACTCTCTCGCTCCTCTGGGGTA- GAAGCAGGGGCCGGAACCGGTGGACCTTACTACCC- CACTAGCAGGAAACCTAGCCATGCAGGGGCATCCCT- CGACTTGACAATTTCTCGCTCATCTGGGGAAATTT- CATCTATCCFAGGGGCTATCAATTTATCAGGACCAT- TTCAATATGAAACCAGCAGCTATGACCATATACCAA- ATCCCTTATTCGTGTGGCAGTACTAATACAGCTGT- GCTCTACTTCTCTACTCCCGTCTAGCTGCGGGCAT- CACAAATGCTCTCACAGATCGGAATTAACACTACC- TTCTTTGACCCTGCGGGGGAGGGGACCAATCTTA- TACCAACCTATT</p>		<p>FISHP 005-15</p>

4. CONCLUSIONES

Los resultados han permitido confirmar la identificación taxonómica de 50 ejemplares pertenecientes a doce especies colectadas del subsistema bentodemersal, los cuales presentaron valores morfológicos y merísticos concordantes con los reportados por CHIRICHIGNO y VÉLEZ (1998).

La descripción taxonómica de *Physiculus nematopus* no cumplió con lo descrito por CHIRICHIGNO y VÉLEZ (1998). La longitud de la aleta pélvica fue más corta que la longitud de la cabeza y de acuerdo a la clave taxonómica corresponderían a *Physiculus rastrelliger*,

mientras que el número total de branquiespinas, que osciló entre 15 y 19, lo acerca más a *Physiculus talarae*. Sin embargo, el análisis molecular indica como única especie a *P. nematopus*.

A nivel molecular no se encontró diferencias entre las subpoblaciones de la especie *Merluccius gayi* (denominadas como *M. gayi* en Ecuador, *M. gayi peruanus* en Perú y *M. gayi gayi* en Chile), por lo que resulta necesario hacer una revisión taxonómica más exhaustiva de esta especie, considerando los principales caracteres morfológicos, merísticos y genéticos, para describir los patrones de variación entre subespecies y/o poblaciones.

Se incorporaron 50 secuencias nucleotídicas en la base de datos BOLD producto de la amplificación parcial del gen COI utilizado para la identificación de especies, generándose su correspondiente codificación y código de barras (Anexo 1).

Se registraron las primeras secuencias nucleotídicas en el BOLD para las especies *Cherublemma emmelas* (C. H. Gilbert, 1890); *Hippoglossina macrops* Steindachner, 1876; *Cephalurus cephalus* (Gilbert, 1892); *Coelorinchus canus* (Garman, 1899) y *Pontinus sierra* (Gilbert, 1890).

En la identificación de las especies el uso de metodologías complementarias como la molecular, resulta esencial para conocer y validar su distribución en el subsistema bentodemersal frente a Perú, lo que se traduce en un registro actualizado de los especímenes de la colección científica del IMARPE (Anexo 1).

5. RECOMENDACIONES

Estos resultados constituyen la primera versión comparativa de estudios morfológicos y moleculares, por lo que son susceptibles de ser mejorados. Dada la diversidad biológica del Perú y la escasa información en las bases de datos de ADN de sus recursos, se considera importante continuar con proyectos dentro de esta línea de investigación, para comparar y actualizar morfológica y molecularmente la presencia, distribución espacial y temporal de las especies a fin de efectuar la actualización de la colección científica del IMARPE mediante el registro de los especímenes analizados.

Se sugiere la revisión y actualización de algunos de los caracteres cualitativos (color y forma) y caracteres diagnósticos propuestos en las claves de identificación, considerando que muchos de ellos sólo son de fácil aplicación en campo o cuando los ejemplares se encuentran en fresco.

6. REFERENCIAS

- ÁLAMO V, VALDIVIESO V. 1997. Lista Sistemática de Moluscos Marinos del Perú. Rev. Instituto del Mar del Perú (IMARPE). 2^{da} Edición. Callao-Perú. Vol. Extraordinario. 205 p.
- CONVENTION ON BIOLOGICAL DIVERSITY (CDB). 1992. 5 June 1992, Río de Janeiro. Brasil.
- CHAPIN FS, ZAVALA E S, EVINER V T, NAYLOR R L, VITOUSEK P M, REYNOLDS H L, HOOPER D U, LAVOREL S, SALA O E, HOBBI E S, MOCK M C, DÍAZ S. 2000. Consequences of changing biodiversity. *Nature* 405: 234-242.
- CHIRICHIGNO N, VÉLEZ J. 1998. Clave para identificar los peces marinos del Perú. 2^{da} edición. Instituto del Mar del Perú. Publicación especial. Callao. Perú. 500 pp.
- FISCHER W, KRUPP F, SCHNEIDER W, SOMMER C, CARPENTER K E, NIEM V H. 1995. Guía FAO para Identificación de Especies para los Fines de la Pesca. Pacífico Centro-Oriental. Volumen II y III. Vertebrados. Roma. FAO.
- HALPERN B S, LONGO C, HARDY D, MCLEOD K L, SAMHOURI J F, KATONA S K, KLEISNER K, LESTER S E, O'LEARY J, RANELLETTI M, ROSENBERG A A, SCARBOROUGH C, SELIG E R, BEST B D, BRUMBAUGH D R, CHAPIN F S, CROWDER L B, DALY K L, DONEY S C, ELFE S C, FOGARTY M J, GAINES S D, JACOBSEN K I, KARRER L B, LESLIE H M, NEELEY E, PAULY D, POLASKY S, RIS B, ST MARTIN K, STONE G S, SUMAILA U R, ZELLER D. 2012. An index to assess the health and benefits of the global ocean. *Nature*. 488(7413): 615.
- HEBERT P, CYWINSKA A, BALL S L, DEWAARD J R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B* 270: 313-321. doi: 10.1098/rspb.2002.2218.
- IVANOVA N V, ZEMLAK T S, HANNER R H, HEBERT P D N. 2007. Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes* 7: 544-548.
- KUMAR S, PARTHIBAN T, RAO G. 2008. Molecular characterization of *Jatropha* genetic resources through inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Mol Biol Rep.* 36: 1951 - 1956.
- LARKIN M A, BLACKSHIELDS G, BROWN N P, CHENNA R, MCGETTIGAN P A, MCWILLIAM H, VALENTIN F, WALLACE I M, WILM A, LOPEZ R, THOMPSON J D, GIBSON T J, HIGGINS D G. 2007. ClustalW and ClustalX version 2. *Bioinformatics* 23(21): 2947-2948.
- MESSING J. 1983. New M13 vectors for cloning. *Methods in Enzymology*. 101, 20-78.
- NEDELÉC C, PRADO J. 1999. Definition and classification of fishing gear categories. FAO Fisheries Technical Paper, No. 222. Rome, FAO. 109 p.
- OKONSKI S L, MARTINI L W. 1987. Artes y Métodos de pesca. Materiales didácticos para la capacitación técnica, Hemisferio Sur. (Buenos Aires). 339 p.
- PRADO J, DREMIERE P Y. 1988. Guide pratique du marin pêcheur [Fisherman's workbook]. FAO, Rome (Italy). Div. des Industries de la Peche, 189 p.
- TAMURA K, STECHER G, PETERSON D, FILIPSKI A, KUMAR S. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular biology and evolution* 30 (12): 2725-2729.
- TRIVEDI S *et al.* 2015. Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: An update. *Saudi Journal of Biological Sciences*.
- ZHANG J B, HANNER R. 2011. DNA barcoding is a useful tool for the identification of marine fishes from Japan. *Biochemical Systematics and Ecology* 39: 31-42.

ANEXO 1

Información de las muestras y secuencias de los 50 ejemplares.

Código de Barras de ADN es el número de identificación de las secuencias de los especímenes muestra incorporadas en la Base de datos iBOL (www.boldsystems.org). Código de Colección es el número de catálogo asignado a cada espécimen en la Colección Científica del Instituto del Mar del Perú (IMARPE).

Orden	Familia	Género/Especie	Códigos de Muestra	Código de Colección	Código de Barras de ADN		
Carcharhiniformes	Pentanchidae	<i>Cephalurus cephalus</i>	BG-19	IMARPE 015843	FISHP045-15		
			BG-20	IMARPE 015844	FISHP038-15		
			BG-21	IMARPE 015845	FISHP039-15		
			BG-22	IMARPE 015846	FISHP040-15		
			BG-23	IMARPE 015847	FISHP041-15		
Gadiformes	Macrouridae	<i>Coelorinchus canus</i>	BG-24	IMARPE 015848	FISHP042-15		
			BG-31	IMARPE 016290	FISHP046-15		
			BG-33	IMARPE 016293	FISHP047-15		
			BG-34	IMARPE 016296	FISHP048-15		
			BG-35	IMARPE 016294	FISHP049-15		
			BG-36	IMARPE 016295	FISHP050-15		
			BG-37	IMARPE 016291	FISHP051-15		
	Moridae	<i>Physiculus nematopus</i>	BG-38	IMARPE 016298	FISHP070-15		
			BG-39	IMARPE 016297	FISHP071-15		
			BG-40	IMARPE 016292	FISHP072-15		
			BG-1	IMARPE 015835	FISHP015-15		
			BG-2	IMARPE 015831	FISHP016-15		
			BG-3	IMARPE 015836	FISHP017-15		
Ophidiiformes	Ophidiidae	<i>Cherublemma emmelas</i>	BG-4	IMARPE 015832	FISHP018-15		
			BG-5	IMARPE 015833	FISHP019-15		
			BG-6	IMARPE 015834	FISHP020-15		
			BG-13	IMARPE 015837	FISHP043-15		
			BG-14	IMARPE 015838	FISHP044-15		
			BG-15	IMARPE 015839	FISHP034-15		
			BG-16	IMARPE 015840	FISHP035-15		
			BG-17	IMARPE 015841	FISHP036-15		
			BG-18	IMARPE 015842	FISHP037-15		
			Scorpaeniformes	Scorpaenidae	<i>Pontinus sierra</i>	BG-32	IMARPE 016289
Triglidae	<i>Prionotus stephanophrys</i>	BG-7		IMARPE 015849	FISHP028-15		
		BG-8		IMARPE 015850	FISHP029-15		
		BG-9		IMARPE 015851	FISHP030-15		
		BG-10		IMARPE 015852	FISHP031-15		
		BG-11		IMARPE 015853	FISHP032-15		
		BG-12		IMARPE 015854	FISHP033-15		
		HP-68		IMARPE 015820	FISHP007-15		
		HP-72		IMARPE 016287	FISHP008-15		
		BG-25		IMARPE 015825	FISHP009-15		
Pleuronectiformes	Paralichthyidae	<i>Citharichthys platophrys</i>	BG-26	IMARPE 015821	FISHP010-15		
			BG-27	IMARPE 015824	FISHP011-15		
			BG-28	IMARPE 015826	FISHP012-15		
			BG-29	IMARPE 015822	FISHP013-15		
			BG-30	IMARPE 015823	FISHP014-15		
		Bothidae	<i>Hippoglossina tetrophthalmia</i>	HP-27	IMARPE 015819	FISHP078-15	
				HP-67	IMARPE 015818	FISHP006-15	
				HP-21	-	FISHP079-15	
				<i>Engyophrys sanctilarentii</i>	HP-22	-	FISHP080-15
					HP-23	-	FISHP002-15
	HP-24				-	FISHP003-15	
	HP-25				-	FISHP004-15	
	HP-26				-	FISHP005-15	
		<i>Monolene maculipinna</i>					

(-): No analizado

ANEXO 2

Principales caracteres morfológicos (color gris) y caracteres diagnósticos (•) utilizados para la identificación taxonómica de las especies.

Taxa		Carcharhiniformes		Gadiformes			Ophidiiformes	Scorpaeniformes		Pleuronectiformes		
		Pentanchidae	Macrouridae	Moridae	Merlucciidae	Ophidiidae	Scorpaenidae	Triglidae	Paralichthidae	Bothidae		
Caracteres morfológicos		<i>Cephalarus cephalus</i>	<i>Coelorhynchus canus</i>	<i>Physiculus nematopus</i>	<i>Merluccius gayi</i>	<i>Cherablenma emmelas</i>	<i>Pontinus sierra</i>	<i>Prionotus stephanophrys</i>	<i>Citharichthys platophrys</i>	<i>Hippoglossina macrops</i>	<i>Hippoglossina tetraphthalma</i>	<i>Engyptophrys sanctilaurentii</i>
Caracteres morfométricos	Longitud total (LT)											
	Longitud estándar (LS)			•								•
	Longitud de la cabeza (LC)			•						•		
	Altura o ancho del cuerpo (AC)											•
	Longitud de la aleta pectoral (LaP)											
	Longitud de la aleta pélvica (LaPe)											
	Longitud de la maxila (LM)											
	Diámetro mayor del ojo (DO)				•							
	Diámetro menor del ojo (dO)											
	Longitud prepectoral (LpP)											
	Longitud preorbital (Lpo)											
	Longitud del hocico (Lh)											
	Anchura de la boca (AB)											
	Longitud a la 1ª aleta dorsal (L1aD)	•										
	Longitud a la 2ª aleta dorsal L2aD											
	Espacio interdorsal (EiD)											
	Espacio entre la aleta pectoral y pélvica (EaPpe)											
	Longitud de la 1era espina dorsal (L1eD)										•	
	Longitud postorbital de la cabeza (LpoC)											
	Longitud del hocico al margen postorbital (Lhpo)											
Longitud del hocico al preopérculo (LhpO)												
Caracteres merísticos	Nº de radios en la aleta dorsal (NºRaD)						•				•	
	Nº de radios de la aleta anal (NºRaA)										•	•
	Nº de radios en la 1ª aleta dorsal (NºR1aD)				•							
	Nº de radios en la 2ª aleta dorsal (NºR2aD)				•							
	Nº de branquiespinas en rama superior (NºBrS)		•	•	•							
	Nº de branquiespinas en el centro (NºBC)											
	Nº de branquiespinas en rama inferior (NºBrl)			•	•						•	
	Nº de escamas en la línea lateral (NºELL)											
	Nº de radios de la aleta pectoral (NºRaP)							•				
	Nº de radios de la aleta pélvica (NºRaPe)		•									
	Nº de radios de la aleta caudal (NºRaC)											
	Nº de radios libres de la aleta pectoral (NºRlaP)											
Nº de radios branquiostegales (NºRB)												

GLOSARIO

Árbol NJ.- Método de agrupamiento Neighbour-Joining (NJ) basado en el criterio de mínima evolución que utiliza medidas de distancia para la reconstrucción de árboles filogenéticos.

BLAST-NCBI (Basic Local Alignment Search Tool).- Programa que permite alinear una secuencia problema frente a secuencias disponibles en una base de datos seleccionada disponible en el NCBI (National Center for Biotechnology Information).

BOLD.- Base de datos del código de barras de ADN (Barcode Of Life Database, por sus siglas en inglés).

C.- Nucleótido citosina

Cebadores.- Oligonucleótidos o secuencias cortas de ADN diseñados para hibridarse en regiones de interés a amplificar mediante la PCR.

Clado.- Grupo de organismos que han evolucionado a partir de un ancestro común.

COI.- Gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I.

Denaturación.- Separación de la doble hebra de ADN por la ruptura de los puentes de hidrógeno que unen a las bases nitrogenadas.

Distancia genética.- Medida de divergencia genética entre diferentes individuos, poblaciones o especies.

Electroferograma.- También llamado cromatograma, es una representación visual del resultado de una

secuencia de ADN obtenida en un analizador genético.

G.- Nucleótido guanina

Haplotipos.- Alelos o secuencias de ADN que se encuentran en una misma ubicación o locus en el genoma.

Hit.- Conjunto de secuencias similares a la secuencia problema en estudio, encontradas en una base de datos empleada para los alineamientos.

Número de accesión.- Código único de identificación de una secuencia de ADN o proteína, que es otorgado por una base de datos de secuencias.

Pares de bases.- Bases nitrogenadas complementarias, que forman parte de los nucleótidos de la doble hebra de ADN.

PCR.- Reacción en cadena de la polimerasa (por sus siglas en inglés, Polymerase Chain Reaction).

Secuencia nucleotídica.- Serie de nucleótidos (A, C, G, T) que representan la estructura primaria del ADN.

Sitio parsimonia informativo.- Sitio que contiene al menos dos tipos de nucleótidos (o aminoácidos) y que al menos dos de ellos ocurren con una frecuencia mínima de dos.

Sitio polimórfico.- Variantes nucleotídicas presentes en una misma posición entre diferentes secuencias de ADN del mismo locus.