

Informe final* del Proyecto HC007

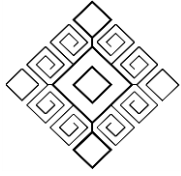
Computarización de Pterópodos (Thecosomata: Gastropoda) del Caribe de México y Belice

Responsable: Dra. Rebeca Adriana Gasca Serrano
Institución: El Colegio de la Frontera Sur
Unidad Chetumal
División de Biodiversidad
Departamento de Ecología y Sistemática Acuáticas
Dirección: Zona Industrial # 2 Carretera Chetumal-Bacalar Km 2, Chetumal, Qroo,
77000 , México
Correo electrónico: rgasca@ecosur.mx
Teléfono/Fax: 01(983) 835 0440 ext.4325; Fax: ext.268
Fecha de inicio: Agosto 31, 2009
Fecha de término: Mayo 17, 2012
Principales resultados: Base de datos, fotografías, códigos de barras, Informe final
Forma de citar el informe final y otros resultados:** Gasca R. 2011. Computarización de Pterópodos (Thecosomata: Gastropoda) del Caribe de México y Belice. El Colegio de la Frontera Sur. Unidad Chetumal. **Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. HC007.** México, D.F.

Resumen:

Con el fin de incrementar la información referente a los grupos que constituyen el zooplancton de nuestros mares, se pretende incluir en la colección de zooplancton de El Colegio de la Frontera Sur los datos y ejemplares de pterópodos del Orden Thecosomata. Se generará una base de datos en formato BIOTICA, que será entregada a CONABIO como parte de los resultados del presente proyecto. En esta base se incorporarán los siguientes datos: 1000 registros, 80,000 ejemplares, al menos 25 especies, 12 géneros, 4 familias, los cuales fueron recolectados en el Caribe de México y Belice, área que incluye 7 Regiones Prioritarias Marinas de México. Se incluirán fotografías de los especímenes. Las muestras analizadas provienen de un proyecto en conjunto con la NOAA y fueron recolectadas en cuatro estratos de profundidad (0-25, 25-50, 50-75 y 75-100m) con una red tipo MOCNESS de 1 m2 de boca, y malla filtrante de 335 micras. Actualmente no existen ejemplares de este grupo de organismos en la colección de zooplancton, por lo que es de gran interés incluir los especímenes a una colección que sirva de referencia para investigaciones futuras. Adicionalmente se intentará obtener códigos de barra de 188 especímenes, incluyendo a las especies de las que haya suficientes ejemplares, lo cual podría ayudar a corroborar la identificación morfológica de las especies

-
- * El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en www.conabio.gob.mx
 - ** El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.



EL COLEGIO DE LA FRONTERA SUR

UNDAD CHETUMAL

Computarización de Pterópodos (Thecosomata:
Gastropoda) del Caribe de México y Belice

Para más información, visite
www.conabio.gob.mx

M. en C. Rebeca A. Gasca Serrano

M. en C. Ana María Parra Flores

CONABIO HCo07

Informe final

Noviembre del 2010

Resumen

Con el fin de incrementar la información referente a los grupos que constituyen el zooplancton de nuestros mares, se incluyeron ejemplares de pterópodos del Orden Thecosomata, junto con sus datos, en la colección de zooplancton de El Colegio de la Frontera Sur. Los ejemplares incluidos se recolectaron en el mar Caribe. Las muestras analizadas provienen de un proyecto de ECOSUR en conjunto con la NOAA y fueron recolectadas en cuatro estratos de profundidad (0-25, 25-50, 50-75 y 75-100m) con una red tipo MOCNESS de 1 m² de boca y malla filtrante de 335 micras. La recolección de las muestras se realizó en el Caribe de México y Belice, área que incluye 6 regiones marinas prioritarias de México. Se obtuvo una base de datos, en formato Biótica 5.0, con la información de los sitios de recolección, los organismos presentes en cada muestra, fotografías de especímenes representativos e información de una colección de referencia formada con ejemplares de cada una de las distintas especies identificadas. En esta base se incorporaron 1284 registros, 89286 ejemplares, 37 especies, 12 géneros y 4 familias; adicionalmente los códigos de barra de 173 ejemplares ayudaron a corroborar o plantearon nuevas incógnitas sobre la identificación taxonómica de 24 especies. Los géneros *Diacavolinia* y *Creseis* al parecer presentan incongruencias (genéticamente hablando) en cuanto al estatus taxonómico de sus especies y formas. Se corrigió la nomenclatura usada para el género *Creseis*. La colección de referencia se encuentra depositada en la Colección de Zooplancton de ECOSUR. Estos organismos son de gran interés debido a que son los primeros pterópodos que se integran a la colección, por lo que servirán de referencia para investigaciones futuras.

Introducción

Los pterópodos son un grupo de moluscos plácticos, que pertenecen Orden Thecosomata de la clase Gastropoda, los cuales se diferencian del resto de los moluscos por tener un pie modificado en un par de alas. La división taxonómica está basada en la morfología de la concha, que está compuesta de aragonita (un derivado del carbonato de calcio). Esta característica proporciona datos en la reconstrucción paleoclimática, ya que es común encontrar las conchas en el sedimento, por lo que son indicadores de las propiedades químicas de la columna de agua y las condiciones ambientales. Este grupo

presenta diferentes patrones de composición y distribución de especies de acuerdo a los gradientes latitudinales y diferencias de temperatura, salinidad y luz; lo cual proporciona información de las condiciones hidrográficas.

Se conocen cerca de 52 especies para el Atlántico de las cuales 40 han sido reportadas para el Caribe y en estudios recientes se han reportado 17 especies en el Caribe de México.

Las primeras investigaciones sobre pterópodos fueron sido realizadas por Suárez-Morales (1994); Suárez-Morales y Gasca (1998) y Parra-Flores y Gasca (2009), y trataron los patrones de distribución de este grupo en el Caribe de México y Belice; por lo que este estudio permitirá ampliar el conocimiento de las especies de pterópodos que se distribuyen en la zona. Este será el primer esfuerzo que integre los registros de especies de pterópodos a una colección biológica, la cual servirá como referencia para investigaciones futuras.

Objetivo

Elaborar una base de datos de pterópodos Thecosomata del caribe de México y Belice, e integrar los especímenes a la colección de referencia de zooplancton de ECOSUR, para enriquecer el conocimiento de la biodiversidad de México

Área de estudio

Este estudio se desarrolló en la costa oriental de la península de Yucatán y Belice. La península de Yucatán se localiza al sur de Norteamérica y al norte de Centroamérica, entre los paralelos $87^{\circ} 53' 13''$ y $92^{\circ} 30' 0''$ O y los $18^{\circ} 83' 10''$ y $21^{\circ} 32' 10''$ N; constituye una saliente terrestre en el océano Atlántico, y separa fisiográficamente al Golfo de México del mar Caribe. Belice se encuentra rodeado al norte por México, al oeste por Guatemala, y al sur por Honduras, entre las coordenadas, $88^{\circ} 46' 00''$ O y $17^{\circ} 15' 00''$ N, con superficie de 22.966 km². El flujo dominante de las corrientes marinas en el Caribe es hacia el oeste-noroeste, hasta arribar a las costas de Yucatán. En esta zona confluyen la corriente Norecuatorial y a su paso se une con parte de la corriente Surecuatorial; el agua entra en el Mar Caribe desde el sureste y se mueve al noroeste formando la

corriente del Caribe. Esta corriente fluye con dirección norte, formando la corriente de Yucatán, la cual conecta al Golfo de México y al Mar Caribe a través del canal de Yucatán (Secretaría de Marina, 1984). Hacia el noreste de la península de Yucatán existe un fenómeno de afloramiento de surgencias convirtiendo el área en una de las más productivas. Debido a la estratificación por efecto de la salinidad y la temperatura, entre la superficie y las surgencias, las capas de agua que convergen en esta zona no se mezclan fácilmente hasta el invierno, cuando hay periodos de Nortes (De la Lanza, 1991). La zona estudiada comprende 6 regiones marinas prioritarias: 68 Arrow Smith, 70 Banco Chinchorro, 63 Pta. Maroma-Nizuc, 65 Sian Ka'an, 64 Tulum-Xpuha y 67 Xcalax-Majahual.

Métodos

Se analizaron 240 muestras recolectadas del 14 al 30 de enero de 2007 durante la operación del crucero Gordon Gunter (GU0701 MASTER Cruise, NOAA) en 60 estaciones (Fig. 1). Las muestras fueron recolectadas con una red tipo MOCNESS-01 con apertura de malla de 335 μm , se realizaron arrastres oblicuos en estratos de profundidad 0-25, 25 – 50, 50-75 y 75-100 m de profundidad. El material recolectado fue preservado en alcohol al 70% y la identificación taxonómica de los organismos se realizó a nivel de especie utilizando los trabajos de van der Spoel y Dadón (1999) y van der Spoel *et al.* (1997). A partir de estos ejemplares identificados se creó una colección de referencia con por lo menos un ejemplar de cada especie, se tomaron fotografías digitales de cada una de las especies y se elaboró una base de datos en formato BIOTICA 5.0.

Para la obtención de secuencias de ADN, las muestras fueron preparadas en el laboratorio de zooplancton de ECOSUR. A cada ejemplar se le extrajo una porción de tejido, que fue depositado en cámaras para su posterior análisis genético en el Instituto de Biodiversidad de Ontario (Guelph), utilizando protocolos estándar (Hajibabaei *et al.* 2005). El procedimiento detallado para este análisis se encuentra en Elías-Gutiérrez *et al.* (2008). Los datos de secuencia, electroferogramas, archivos de seguimiento, los detalles de cebadores, fotografías y las localidades de colecta de muestras están disponibles dentro del proyecto en la base de datos Barcode of Life Database System

(BOLD, Ratnasingham y Hebert 2007). Todos los cálculos en la divergencia nucleotídica se calcularon con las herramientas del sistema BOLD con el método de Kimura con dos parámetros (K2P) (Kimura 1980). Las secuencias fueron alineadas con SEQSCAPE v.2.1.1 software (Applied Biosystems, Inc.). El árbol de identificación se realizó con el método del vecino más cercano (NJ) basada en las distancias K2P para proporcionar una representación gráfica de los patrones de divergencia entre especies (Saitou y Nei 1987) en el Instituto de Biodiversidad de Ontario (Guelph), utilizando protocolos estándar (Hajibabaei et al. 2005).

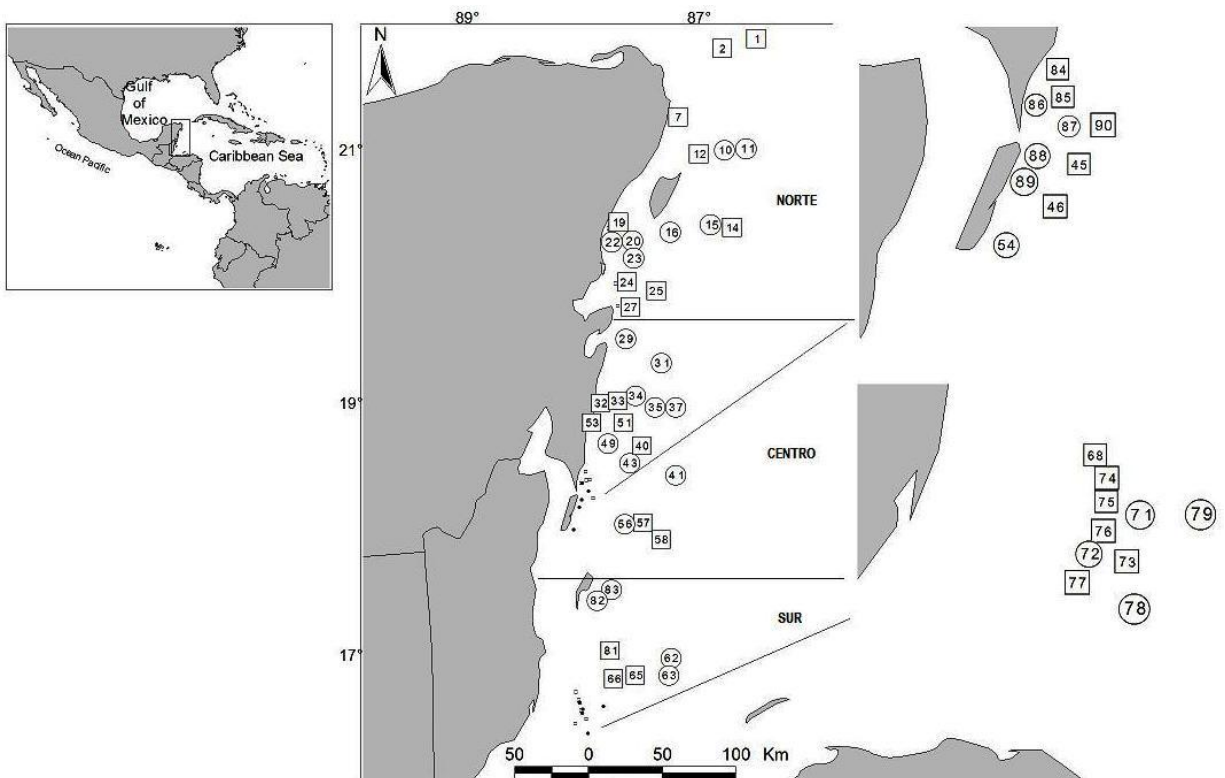


Figura 1. Localidades de muestreo abordo del Gordon-Gunter (GU0701 MASTER Cruise, NOAA) en el Caribe de México y Belice, en enero de 2007.

Resultados

De las 240 muestras analizadas se obtuvieron 89286 ejemplares en 60 localidades. De éstos, se obtuvo una lista de 37 especies, agrupadas en 4 familias y 12

géneros (Tabla 1). Se elaboro una base de datos, en formato BIOTICA 5.0, que consta de 1284 registros curatoriales, de los cuales 300 registros se integraron en la colección de Zooplancton de ECOSUR, cuyas siglas son ECO-CH-Z y número de registro en la SEMARNAT es QNR.IN.019.0497. La base de datos cuenta con información referente a las muestras y a los organismos identificados, y se incluyó por lo menos una fotografía digital de cada una de las especies en la base de datos.

De 173 ejemplares de 24 especies enviadas a codificar ADN se obtuvieron las secuencias o codigos de barras de 79 ejemplares de 21 especies, lo que corresponde a un 87.5% de éxito en este análisis, con secuencias de alta calidad (<1%Ns) para el 100% de los ejemplares (ver: <http://www.boldsystems.org/views/projectmenu.php?&>), nombre de proyecto: Pteropods from Caribbean Sea [THEC]; se anexa archivo en excel. De acuerdo a los lineamientos de control de calidad de codigos de barras, establecidos por Boldsystems, se consideraran confiables para la identificación de las especies cuando se obtienen como mínimo tres codigos de barras por especie; en este analisis se obtuvieron más de tres codigos de barras de las siguientes especies: *Cavolinia inflexa*, *Cavolinia uncinata uncinata*, *Clio pyramidata lanceolata*, *Creseis clava*, *Creseis conica*, *Creseis virgula*, *Cuvierina columnella atlantica*, *Diacavolinia aspina*, *Diacavolinia constricta*, *Diacavolinia elegans*, *Diacavolinia strangulata*, *Diacavolinia vanutrechtii*, *Diacria trispinosa trispinosa* y *Limacina inflata*.

En la tabla 2 se presentan las especies y el número de ejemplares que se analizaron genéticamente. En la agrupación de secuencias de ADN obtenidas con el análisis genético se observa que la identificación taxonómica, previa a la obtención de ADN, para las especies de los géneros, *Cavolinia*, *Creseis*, *Diacria*, *Hyalocylis*, *Styliola*, *Limacina*, *Cuvierina* y *Clio*, ha sido correcta puesto que en el árbol los ejemplares pertenecientes a cada especie se agrupan en la misma rama (Fig 2). Otro resultado observado en el árbol de distancias, es que la distancia que hay entre especies *Creseis acicula* forma *acicula* y *Creseis acicula* forma *clava*, es suficiente para considerarlas como especies distintas y no sólo como formas (Fig. 3 y Tabla 3). De acuerdo con la publicación de Janssen (2007) el nombre correcto para las especies identificadas como *Creseis acicula* forma *acicula* es *Creseis clava*, y para *Creseis acicula* forma *clava* es *Creseis conica*; se decidió corregir el nombre de estas especies tanto en la base de datos

de Biótica como en BOLD (se espera que sean autorizados y actualizados dichos cambios por el personal de Boldsystems).

En cuanto a las especies del género *Diacavolinia* podemos decir que a pesar de que las diferencias morfológicas nos guiaron, tanto a nosotras como a la Dra. Rampal a la identificación de distintas especies, con base en los criterios de las claves de van der Spoel *et al.* (1997), el análisis genético no reveló diferencias significativas que permitan confirmar su estatus como especies independientes (Fig. 4 y Tabla 4).

Discusión y conclusiones

En este estudio se registraron las especies de moluscos del grupo Thecosomata para la zona del Caribe de México y Belice y se integraron organismos a la colección de referencia del ECOSUR. Esta información ha sido utilizada para conocer los patrones de distribución y la abundancia de las especies y su relación con los fenómenos oceanográficos como son las corrientes (Parra y Gasca 2009). Los nuevos resultados servirán de referencia para próximas investigaciones.

Debido a que las especies del género *Diacavolinia* presentan diferencias morfológicas pequeñas y a que las divergencias genéticas obtenidas en este análisis es mínima, se sugiere que probablemente no son diferentes especies sino una especie con distintas formas. Por mucho tiempo *Diacavolinia longirostris* fue considerada como especie única del género, posteriormente van de Spoel *et al.* (1993) estudiaron el complejo de *Diacavolinia longirostris*, y elevaron a nivel de especies a seis infraespecies ya existentes e introdujeron 18 nuevas especies y dos formas en el género *Diacavolinia*. En total se han descrito 24 especies que se asemejan entre mucho. Janssen (2007) indicó que aún no se ha demostrado que sus características se han merecidas para que hayan sido descritas como diferentes especies, dato que al parecer es apoyado por los datos obtenidos en este proyecto, sin embargo, al haber seguido la clasificación de van der Spoel *et al.* (1997) y van der Spoel y Dadón (1999) la lista de especies es la que se indica en la Tabla 4.

La obtención de las secuencias de ADN fueron utilizadas para corroborar la identificación taxonómica de las especies, los códigos de barras serán una herramienta que facilitara la identificación de las especies en las próximas investigaciones que se

realicen acerca de este grupo de moluscos, así mismo contribuirá en la actualización de las colecciones biológicas, ya que permitirán relacionar las secuencias de dichas especies con las existentes en los museos. El código de barras de ADN ha resultado ser de gran utilidad en este estudio para la corroboración de la determinación de las especies y lo más importante, para plantearnos nuevas preguntas acerca de los estatus taxonómicos de las formas y especies de los géneros *Diacavolinia* y *Creseis*. Los resultados serán de utilidad en nuevas investigaciones tanto ecológicas como taxonómicas y han permitido y permitirán continuar incrementando el conocimiento de la biodiversidad de nuestros mares.

Restricciones: ninguna, la información puede hacerse pública.

Tabla 1. Lista de especies identificadas en el mar Caribe de México y Belice (enero 2007).

Clase GASTROPODA
Subclase OPISTHOBRANCHIA
Orden THECOSOMATA
Suborden EUTHECOSOMATA

Familia CAVOLINIIDAE Fischer, 1883
Subfamilia Cavoliniinae van der Spoel, 1972
Cavolinia inflexa forma *inflexa* (Lesueur, 1813)
Cavolinia uncinata uncinata (Rang, 1829)
Cavolinia tridentata (Niebuhr, 1775)
Cavolinia gibbosa (d'Orbigny, 1836)
Diacria quadridentata (de Blainville, 1821)
Diacria rampali Dupony, 1979
Diacria trispinosa forma *atlantica* (de Blainville, 1821)
Diacria trispinosa forma *trispinosa* (de Blainville, 1821)
Diacavolinia aspina van der Spoel, Bleeker y Kobayasi 1993
Diacavolinia atlantica van der Spoel, Bleeker y Kobayasi, 1993
Diacavolinia constricta van der Spoel, Bleeker y Kobayasi, 1993
Diacavolinia deshayesi van der Spoel, Bleeker y Kobayasi, 1993
Diacavolinia elegans van der Spoel, Bleeker y Kobayasi, 1993
Diacavolinia limbata forma *limbata* (d'Orbigny, 1836)
Diacavolinia longirostris (de Blainville, 1821)
Diacavolinia strangulata (Deshayes, 1823)
Diacavolinia vanutrechtii forma *vanutrechtii* van der Spoel, Bleeker y Kobayasi, 1993

Subfamilia Cuvierininae van der Spoel, 1967
Cuvierina columnella forma *atlantica* (van der Spoel, 1970)
Cuvierina columnella forma *urceolaris* (Mörch, 1850)

Subfamilia Clioinae van der Spoel, 1972
Clio pyramidata lanceolata (Lesueur, 1767)
Clio pyramidata sulcata (Pfeffer, 1879)
Creseis clava (Rang, 1828)
Creseis virgula (Rang, 1828)
Creseis conica (Eschscholtz, 1829)
Diacria major (Boas, 1886)
Hyalocylis striata (Rang, 1828)
Styliola subula (Quoy y Gaimard, 1827)

Suborden PSEUDOTHECOSOMATA
Familia PERACLIDIDAE Tesch, 1913

Peracelis reticulata (d' Orbigny, 1836)
Peracelis apicifulva Meisenheimer, 1906

Familia CYMBULIIDAE Cantraine, 1841
Subfamilia Glebinae van der Spoel, 1976
Corolla ovata (Quoy y Gaimard, 1832)
Gleba cordata Niebuhr, 1776

Familia DESMOPTERIDAE Chun, 1889
Desmopterus papilio Chun, 1889

Familia LIMACINIDAE Gray, 1847
Limacina helicoides (Jeffreys, 1877)
Limacina inflata (d' Orbigny, 1836)
Limacina lesueuri (d' Orbigny, 1836)
Limacina trochiformis (d' Orbigny, 1836)
Limacina bulimoides (d' Orbigny, 1836)

Tabla 2. Reporte taxonómico de secuencias de ADN para cada especie analizada.

Orden	Especies
Thecosomata [77 individuos][21 especies]	
	Cavoliniidae [72 individuos][19 species]
	<i>Cavolinia inflexa</i> [5 individuos]
	<i>Cavolinia uncinata uncinata</i> [5 individuos]
	<i>Clio pyramidata lanceolata</i> [5 individuos]
	<i>Creseis acicula</i> [10 individuos]
	<i>Creseis virgula</i> [3 individuos]
	<i>Cuvierina columnella atlantica</i> [5 individuos]
	<i>Diacavolinia aspina</i> [4 individuos]
	<i>Diacavolinia atlantica</i> [3 individuos]
	<i>Diacavolinia constricta</i> [4 individuos]
	<i>Diacavolinia deshayesi</i> [2 individuos]
	<i>Diacavolinia elegans</i> [4 individuos]
	<i>Diacavolinia limbata</i> [1 individuos]
	<i>Diacavolinia strangulata</i> [4 individuos]
	<i>Diacavolinia vanutrechtii</i> [3 individuos]
	<i>Diacria major</i> [2 individuos]
	<i>Diacria rampali</i> [3 individuos]
	<i>Diacria trispinosa trispinosa</i> [5 individuos]
	<i>Hyalocylis striata</i> [1 individuos]
	<i>Styliola subula</i> [3 individuos]
	Limacinidae [5 individuos][2 species]
	<i>Limacina inflata</i> [4 individuos]
	<i>Limacina trochiformis</i> [1 individuos]

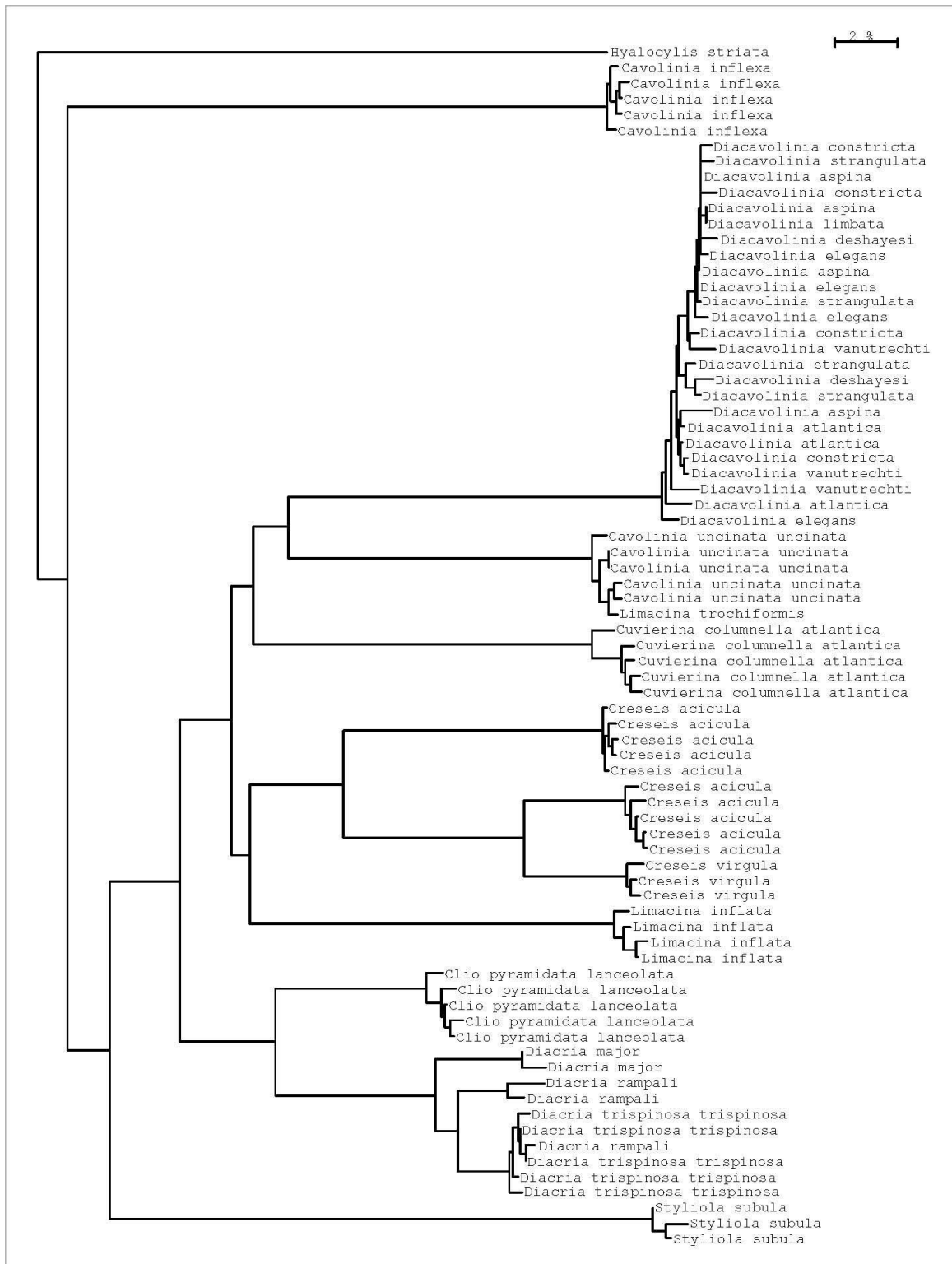


Figura 2. Árbol taxonómico de distancias genéticas (BOLD TaxonID Tree) con las especies comprometidas. Secuencias de ADN contadas: 77, especies: 21, géneros: 9 y familias: 2.

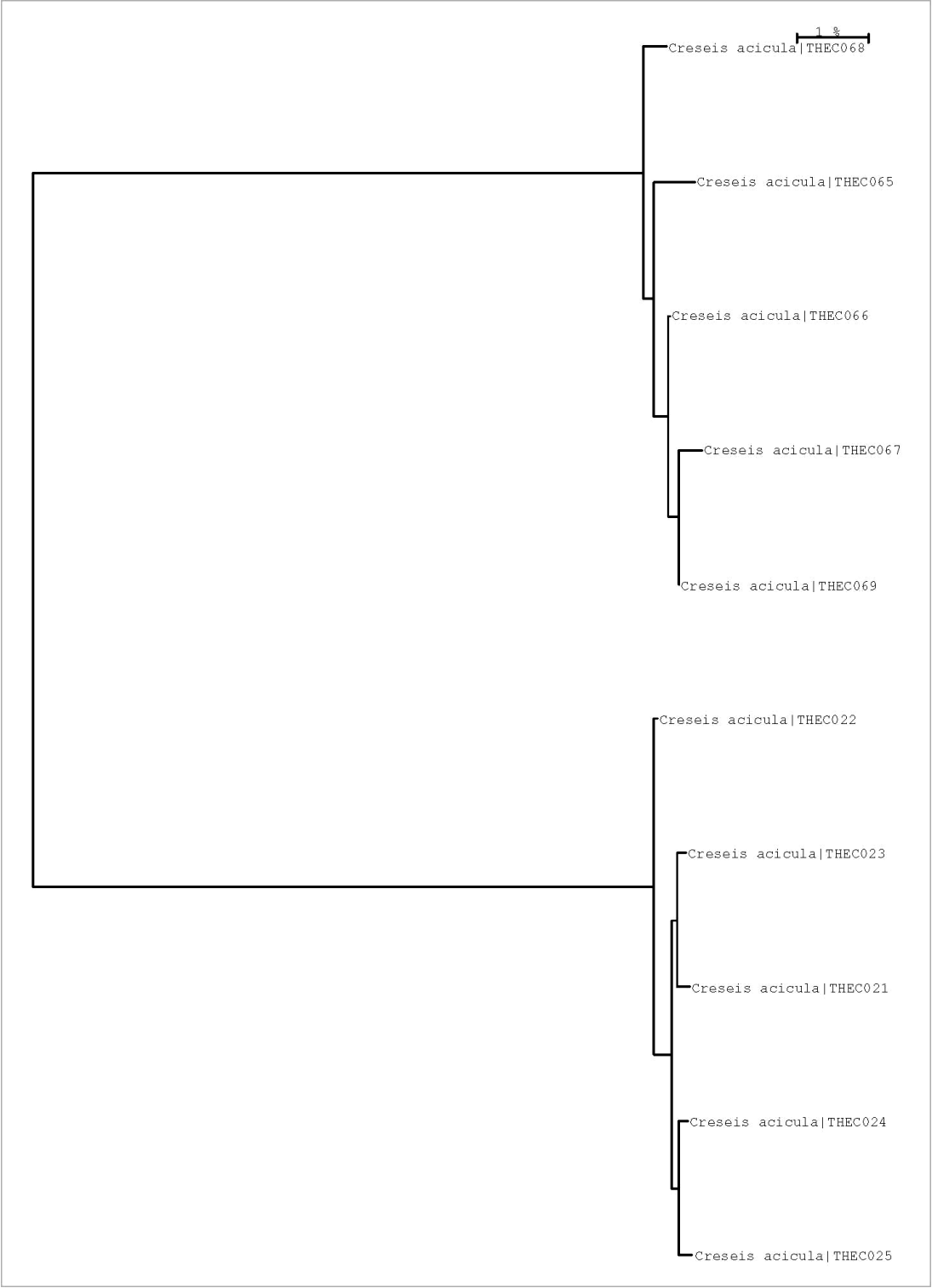


Figura 3. Árbol taxonomico de distancias genéticas (BOLD TaxonID Tree), *Creseis acicula* forma *clava* (THEC021-025) y *Creseis acicula* forma *acicula* (THEC065-069)

Tabla 3. Distancias genéticas entre *Creseis acicula* forma *clava* (THEC021-025) y *Creseis acicula* forma *acicula* (THEC065-069).

Processid	Rank	Distance(%)	Processid	Rank
THEC021-10	Creseis acicula	0.46	THEC022-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	0.31	THEC023-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	0.46	THEC024-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	0.46	THEC025-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	18.67	THEC065-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	18.27	THEC066-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	18.89	THEC067-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	18.27	THEC068-10	Creseis acicula
THEC021-10	Creseis acicula	18.47	THEC069-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	0.46	THEC023-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	0.61	THEC024-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	0.61	THEC025-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	18.06	THEC065-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	17.67	THEC066-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	18.28	THEC067-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	17.67	THEC068-10	Creseis acicula
THEC022-10	Creseis acicula	17.87	THEC069-10	Creseis acicula
THEC023-10	Creseis acicula	0.46	THEC024-10	Creseis acicula
THEC023-10	Creseis acicula	0.46	THEC025-10	Creseis acicula
THEC023-10	Creseis acicula	18.46	THEC065-10	Creseis acicula
THEC023-10	Creseis acicula	18.06	THEC066-10	Creseis acicula
THEC023-10	Creseis acicula	18.68	THEC067-10	Creseis acicula
THEC023-10	Creseis acicula	18.06	THEC068-10	Creseis acicula
THEC023-10	Creseis acicula	18.27	THEC069-10	Creseis acicula
THEC024-10	Creseis acicula	0.31	THEC025-10	Creseis acicula
THEC024-10	Creseis acicula	18.25	THEC065-10	Creseis acicula
THEC024-10	Creseis acicula	17.86	THEC066-10	Creseis acicula
THEC024-10	Creseis acicula	18.47	THEC067-10	Creseis acicula
THEC024-10	Creseis acicula	17.86	THEC068-10	Creseis acicula
THEC024-10	Creseis acicula	18.06	THEC069-10	Creseis acicula
THEC025-10	Creseis acicula	18.67	THEC065-10	Creseis acicula
THEC025-10	Creseis acicula	18.27	THEC066-10	Creseis acicula
THEC025-10	Creseis acicula	18.89	THEC067-10	Creseis acicula
THEC025-10	Creseis acicula	18.27	THEC068-10	Creseis acicula
THEC025-10	Creseis acicula	18.47	THEC069-10	Creseis acicula
THEC065-10	Creseis acicula	0.93	THEC066-10	Creseis acicula
THEC065-10	Creseis acicula	1.09	THEC067-10	Creseis acicula
THEC065-10	Creseis acicula	1.09	THEC068-10	Creseis acicula
THEC065-10	Creseis acicula	0.78	THEC069-10	Creseis acicula
THEC066-10	Creseis acicula	0.46	THEC067-10	Creseis acicula
THEC066-10	Creseis acicula	0.77	THEC068-10	Creseis acicula
THEC066-10	Creseis acicula	0.15	THEC069-10	Creseis acicula

THEC067-10	Creseis acicula	0.92	THEC068-10	Creseis acicula
THEC067-10	Creseis acicula	0.31	THEC069-10	Creseis acicula
THEC068-10	Creseis acicula	0.61	THEC069-10	Creseis acicula

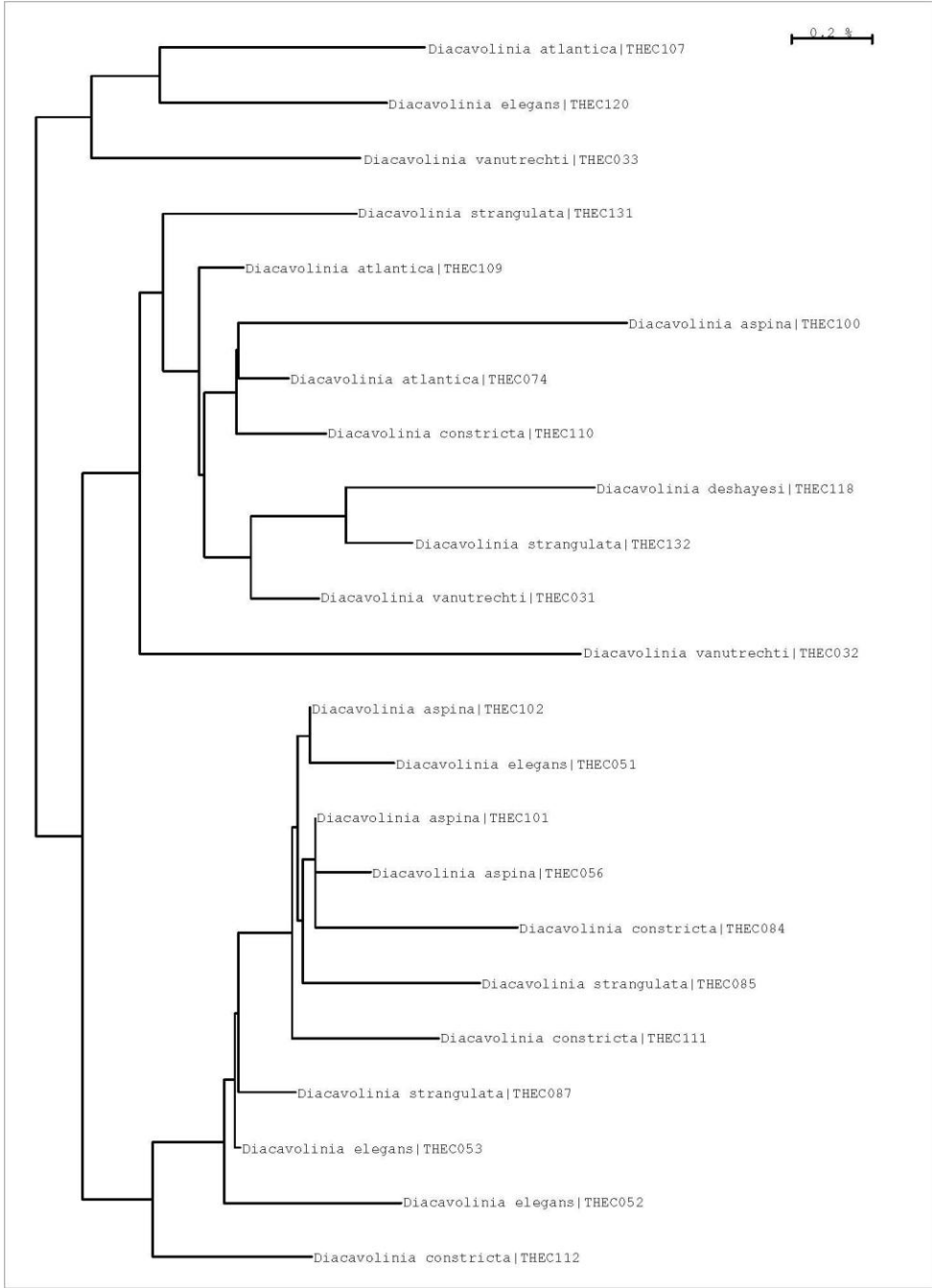


Figura 4. Árbol taxonómico de distancias genéticas (BOLD TaxonID Tree), de las especies del genero Diacavolinia.

Tabla 4. Distancias genéticas entre cada una de las especies del genero Diacavolinia.

Processid	Rank	Distance(%)	Processid	Rank
THEC102-10	Diacavolinia aspina	0	THEC101-10	Diacavolinia aspina
THEC102-10	Diacavolinia aspina	1.46	THEC100-10	Diacavolinia aspina
THEC102-10	Diacavolinia aspina	0.21	THEC056-10	Diacavolinia aspina
THEC101-10	Diacavolinia aspina	2.03	THEC100-10	Diacavolinia aspina
THEC101-10	Diacavolinia aspina	0.15	THEC056-10	Diacavolinia aspina
THEC100-10	Diacavolinia aspina	2.18	THEC056-10	Diacavolinia aspina
THEC109-10	Diacavolinia atlantica	1.48	THEC107-10	Diacavolinia atlantica
THEC109-10	Diacavolinia atlantica	0.4	THEC074-10	Diacavolinia atlantica
THEC107-10	Diacavolinia atlantica	0.92	THEC074-10	Diacavolinia atlantica
THEC112-10	Diacavolinia constricta	1.01	THEC111-10	Diacavolinia constricta
THEC112-10	Diacavolinia constricta	0.97	THEC110-10	Diacavolinia constricta
THEC112-10	Diacavolinia constricta	1.36	THEC084-10	Diacavolinia constricta
THEC111-10	Diacavolinia constricta	1.01	THEC110-10	Diacavolinia constricta
THEC111-10	Diacavolinia constricta	1.01	THEC084-10	Diacavolinia constricta
THEC110-10	Diacavolinia constricta	1.77	THEC084-10	Diacavolinia constricta
THEC120-10	Diacavolinia elegans	1.84	THEC051-10	Diacavolinia elegans
THEC120-10	Diacavolinia elegans	1.84	THEC052-10	Diacavolinia elegans
THEC120-10	Diacavolinia elegans	1.42	THEC053-10	Diacavolinia elegans
THEC051-10	Diacavolinia elegans	0.93	THEC052-10	Diacavolinia elegans
THEC051-10	Diacavolinia elegans	0.46	THEC053-10	Diacavolinia elegans
THEC052-10	Diacavolinia elegans	0.46	THEC053-10	Diacavolinia elegans
THEC132-10	Diacavolinia strangulata	1.22	THEC131-10	Diacavolinia strangulata
THEC132-10	Diacavolinia strangulata	1.63	THEC085-10	Diacavolinia strangulata
THEC131-10	Diacavolinia strangulata	1.63	THEC085-10	Diacavolinia strangulata
THEC031-10	Diacavolinia vanutrechtii	1.4	THEC032-10	Diacavolinia vanutrechtii
THEC031-10	Diacavolinia vanutrechtii	1.71	THEC033-10	Diacavolinia vanutrechtii
THEC032-10	Diacavolinia vanutrechtii	2.51	THEC033-10	Diacavolinia vanutrechtii

Bibliografía

- De la Lanza, E., M. A. Rodríguez, J. Estrada y S. Guevara. 1976. Hidrología de la Bahía de Campeche y Norte de Yucatán. Memorias de la Primera reunión Latinoamericana de Ciencia y Tecnología Oceanográfica, Secretaria de Marina. Dir. Gral de Oceanografía y Señalamiento Marítimo (México). 2: 108-161.
- Elías-Gutiérrez M., F. Martínez Jerónimo, N.V. Ivanova, M. Valdez-Moreno y P.D.N Hebert. 2008. DNA barcodes for Cladocera and Copepoda from Mexico and Guatemala, highlights and new discoveries. *Zootaxa*. 1839: 1-42.
- Hajibabaei M., J.R. deWaard, N.V. Ivanova, S. Ratnasingham, R.T. Dooh, S. L. Kirk, P. M. Mackie y P.D. Hebert. 2005. Critical factors for assembling a high volume of DNA barcodes. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360:1959- 1967.
- Janssen, A. W. 2007. Holoplanktonic Mollusca (Gastropoda: Pterotracheoidea, Janthinoidea, Thecosomata and Gymnosomata) from the Pliocene of Pangasinan (Luzon, Philippines). *Scripta Geologica*, 135: 29-178.
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution* 16:111-120.
- Parra-Flores, A. y Gasca, R. 2009. Distribution of pteropods (Mollusca: Gastropoda: Thecosomata) in surface waters (0–100 m) of the Western Caribbean Sea (winter, 2007). *Revista de Biología Marina y Oceanografía*. 44 (3): 647–662.
- Ratnasingham S. y P.D.N. Hebert. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System. *Mol. Ecol. Notes* 7:355–364.
- Saitou, N. y M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- Secretaría de Marina. 1984. Carta batimétrica núm. 900. Canal de Yucatán y proximidades. Secretaría de Marina. Dirección General de Hidrografía. México.
- Suárez-Morales, E. 1994. Distribución de los pterópodos (Gastropoda: Thecosomata y Pseudothecosomata) en el Golfo de México y zonas adyacentes. *Rev. Biol. Trop.* 42(3): 522-530.
- Suárez-Morales, E. y R. Gasca. 1998. Thecosome pteropod (Gastropoda) assemblages of the Mexican Caribbean Sea (1991). *Nautilus* 112: 43-51.
- Van der Spoel, S., Bleeker, J. y Kobayasi, H., 1993. From *Cavolinia longirostris* to twenty-four *Diacavolinia* taxa, with a phylogenetic discussion (Mollusca, Gastropoda). *Bijdr. Dierk.* 62(3): 127-166.
- Van der Spoel, S., L. Newman y K. W. Estep. 1997. Pelagic molluscs of the world. World Biodiversity Database, CDROM Series. Expert Center for Taxonomic Identification (ETI): Amsterdam.
- Van der Spoel, S. y J. R. Dadon, 1999. Pteropoda. En: D. Boltovskoy (ed.). South Atlantic zooplankton. Backhuys Publishers, Leiden: 649-706.