



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA  
UNIDAD XOCHIMILCO**

**DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD  
DEPARTAMENTO EL HOMBRE Y SU AMBIENTE  
LICENCIATURA EN BIOLOGÍA**

**INFORME FINAL  
DE SERVICIO SOCIAL**

**DIFERENCIAS EN *Pterygoplichthys* spp. MEDIANTE CÓDIGO DE BARRAS EN  
CUATRO LOCALIDADES DE MÉXICO**

**QUE PARA OBTENER EL TÍTULO  
DE BIÓLOGA**

**PRESENTA**

**ALINE YADIRA MONGE NAVA**

**2183028026**

**ASESOR INTERNO:**

**DRA. BRENDA ILIANA VEGA RODRÍGUEZ, NO. ECO. 42784  
DEPARTAMENTO DEL HOMBRE Y SU AMBIENTE**

**ASESOR EXTERNO:**

**M. EN C. CHRISTIAN LAMBARRI MARTÍNEZ  
INSTITUTO DE BIOLOGÍA, UNAM**

**MÉXICO, CDMX.**

**AGOSTO, 2023**

## ÍNDICE

1.	INTRODUCCIÓN .....	4
2.	PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA .....	5
3.	JUSTIFICACIÓN .....	5
4.	OBJETIVOS .....	5
4.1.	Objetivo general .....	5
4.2.	Objetivos específicos.....	5
5.	MARCO TEÓRICO .....	6
5.1.	Pez diablo: Especie invasora .....	6
5.1.1.	Familia Loricariidae .....	6
5.1.2.	Género <i>Pterygoplichthys</i> .....	7
5.1.3.	Clasificación taxonómica del género <i>Pterygoplichthys</i> .....	7
5.2.	Código de barras (caracteres moleculares).....	7
5.2.1.	Extracción y amplificación de ADN .....	8
5.2.2.	Banco de genes .....	9
5.3.	Sistemática filogenética .....	9
6.	MATERIAL Y MÉTODOS.....	10
7.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	11
8.	CONCLUSIÓN .....	15
9.	REFERENCIAS.....	15
	ANEXO 1.....	22

## RESUMEN

El pez diablo es una especie exótica invasora, nativa de la cuenca del Amazonas, que habita en aguas dulces y poco profundas y se distribuye desde Costa Rica hasta Argentina. Uno de los mayores problemas que representa este grupo de peces es la identificación de las especies, es por ello que en este trabajo se analizaron las diferencias entre las poblaciones de *Pterygoplichthys* spp. por código de barras, específicamente con el gen mitocondrial citocromo oxidasa 1 (COX1), para comparar la variabilidad del gen en estas especies. La metodología de este trabajo consistió en una comparación de las secuencias extraídas de COX1 de los organismos capturados del presente estudio, con las registradas en GenBank y BOLD. También un alineamiento de secuencias, utilizando el programa MEGA 11. Finalmente, se elaboró un dendrograma para la representación gráfica de la similitud, se agregaron 14 secuencias del GenBank de organismos del mismo género y de un organismo de otra familia (Callichthyidae) para enraizar el árbol. Se analizaron 212 secuencias de organismos de *Pterygoplichthys* spp., de las cuales, se obtuvieron 26 secuencias viables. Al compararlas con los datos de las bases antes mencionadas, hubo una similitud del 100% con *P. pardalis*, *P. scrophus*, *P. joselimaianus*, *P. disjunctivus* e *Hypostomus plecostomus*. El alineamiento dio como resultado la ausencia de variabilidad en el gen COX1 y la matriz de distancias dio un 0% de divergencia entre las secuencias muestreadas. El árbol de similitud arrojó tres grupos diferentes, en una rama las secuencias de este estudio, en la segunda rama las secuencias que se añadieron del mismo género; y el tercer grupo fue del organismo de la familia Callichthyidae.

**Palabras clave:** pez diablo, ADN, COX1, variabilidad genética, secuencias, similitud.

## ABSTRACT

The Sailfin Catfish is a native species to the Amazon River basin that inhabits fresh and shallow waters from Costa Rica to Argentina, but has become an invasive exotic species in many other regions and countries. One of the major problems of this group fish is species' identification, therefore, we analyzed the differences between populations of *Pterygoplichthys* spp. by barcoding, specifically with the mitochondrial gene cytochrome oxidase 1 (COX1) to compare the variability of the gene in these species. We performed a comparison of the COX1 sequences extracted from captured organisms with those registered in GenBank and BOLD. Also, we performed sequence alignment, using the program MEGA 11. Ink. Finally, a dendrogram was constructed to represent the genealogy, adding 14 GenBank sequences from organisms of the same genus and one organism from another family

(Callichthyidae); the latter to root the tree. Twenty-six viable sequences were obtained and showed a 100% similarity with *P. pardalis*, *P. scrophus*, *P. joselimaianus*, *P. disjunctivus* and *Hypostomus plecostomus*. The alignment resulted in no variability in the COX1 gene, likewise the distance matrix resulted in 0% divergence between the sampled sequences. The similarity tree yielded three different groups: one branch with the sequences of this study, one with the sequences added of the same genus; and a third group with the added Callichthyidae sequence.

**Key words.** Sailfin Catfish, DNA, COI, genetic variability, sequences, similarity.

## 1. INTRODUCCIÓN

Las especies exóticas invasoras son aquellas que fueron trasladadas fuera de su origen y han sido introducidas accidental o intencionalmente en otros ecosistemas (March y Martínez, 2007). Estas especies son las causantes de graves daños a los ecosistemas porque provocan desequilibrio ecológico entre las poblaciones nativas, cambio en la composición de especies, cambio en la estructura trófica, desplazamiento de especies, pérdida de biodiversidad, entre otras (Aguilar, 2005). Los peces exóticos invasores son una de las mayores amenazas para la ictiofauna en sus ambientes acuáticos. En México están registradas 104 especies de peces exóticos invasores (Espinosa-Pérez y Ramírez 2015), que se han introducido por vías relacionadas con las actividades humanas, como la acuicultura y la acuariofilia (Comité Asesor Nacional sobre Especies Invasoras, 2010). Las tilapias (*Oreochromis* spp.), la carpa común (*Cyprinus carpio*), la carpa herbívora (*Ctenopharyngodon idella*) y los plecos o peces diablo (*Pterygoplichthys* spp.) son algunos ejemplos de estas especies (Amador-del Ángel y Wakida-Kusunoki, 2014). El pez diablo es un grupo de peces originarios de la cuenca del río Amazonas que suele habitar en ríos o lagos poco profundos (Marenco, 2010) y que habita desde Costa Rica hasta Argentina (Vega *et al.*, 2016). A México llegó por el comercio ornamental, pero en el año 1995 se registró en vida libre en el Río Mezcala en Guerrero (Cano, 2011). Posteriormente tuvo presencia en Michoacán, Chiapas, Tabasco, Guerrero, Jalisco, Tamaulipas y Morelos (Amador-del Ángel *et al.*, 2009). La familia Loricariidae incluye 1,217 especies y 165 géneros (Fricke *et al.*, 2023); y uno de sus mayores problemas es la identificación de especies, ya que sus claves taxonómicas son antiguas y poco rigurosas (Mazzoni *et al.*, 1994; Mendoza *et al.*, 2007). Para el género *Pterygoplichthys*, principalmente se utilizan los patrones de manchas ventrales como caracteres de identificación (Weber, 1991; Armbruster y Page, 2006) y la identificación de los plecos fuera de su hábitat ha presentado controversias, ya que existe la posibilidad de hibridación entre especies (Mendoza *et al.*, 2007; Jumawan *et al.*, 2011; Bijukumar *et al.*, 2015). A pesar de ello, en México se han reconocido a las especies *P. multiradiatus* y *P. pardalis* en Morelos, Campeche y Chiapas (Cano, 2011; Velázquez *et al.*, 2013; Ayala *et al.*, 2014); mientras que en Coahuila se ha identificado a *P. ambrosetti* (Gaona, 2021). Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es analizar las diferencias en ADN mitocondrial en ejemplares de *Pterygoplichthys* spp de cuatro poblaciones mexicanas.

## 2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Como ya se mencionó anteriormente, el problema más relevante de la familia Loricariidae es la identificación de especies (Mendoza *et al.*, 2007), debido a que las claves taxonómicas no están actualizadas (Mazzoni *et al.*, 1994) y porque los caracteres de las especies son confusos (Weber, 1991; Armbruster y Page, 2006). El planteamiento de este trabajo se basa en la identificación de especies y poblaciones de una especie de esta familia, mediante sus diferencias en el gen mitocondrial COX1.

## 3. JUSTIFICACIÓN

La mayoría de las investigaciones en México sobre *Pterygoplichthys* spp. son sobre nuevos registros, su distribución y biología (Castro, 2019), sin embargo, la determinación precisa de las especies presentes en nuestro país es un primer paso necesario para establecer programas de manejo para esta invasión. Varios estudios que han basado la identificación de las especies en caracteres fenotípicos no han encontrado diferencias significativas (Gaona, 2021; Chávez, 2022), por lo cual, es necesario probar otras técnicas de identificación. Los análisis basados en marcadores moleculares, mitocondriales y nucleares son frecuentemente utilizados para el reconocimiento de unidades taxonómicas (Cardoso, 2013). Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es analizar las diferencias entre las poblaciones de *Pterygoplichthys* spp. por código de barras, mediante el gen mitocondrial citocromo oxidasa I (COX1), en cuatro poblaciones de México.

## 4. OBJETIVOS

### 4.1. Objetivo general

Analizar diferencias en ADN mitocondrial entre cuatro poblaciones mexicanas de *Pterygoplichthys* spp.

### 4.2. Objetivos específicos

- Explorar las secuencias de COX1 de *Pterygoplichthys* spp. colectados en fresco.
- Explorar las secuencias de COX1 de *Pterygoplichthys* spp. en bancos de genes.
- Realizar un alineamiento de las secuencias de COX1 de los ejemplares de *Pterygoplichthys* spp.
- Analizar las distancias filogenéticas de los ejemplares de *Pterygoplichthys* spp. de cuatro localidades de México.

## 5. MARCO TEÓRICO

### 5.1. Pez diablo: Especie invasora

En México, el pez diablo o pleco es una amenaza para la biodiversidad, ya que se trata de una especie exótica invasora. Estas especies son trasladadas desde otro sitio, es decir, no son nativas de una región y son introducidas accidental o intencionalmente en ella. Los efectos negativos que traen estas introducciones son el desplazamiento de especies nativas, depredación, modificación de hábitat, alteración de la estructura de los niveles tróficos y transmisión de enfermedades (March y Martínez, 2007). Los plecos son nativos de la cuenca de Amazonas en Sudamérica, pero se han introducido en los cuerpos de agua epicontinental y se han expandido velozmente a nivel mundial, debido a su reproducción precoz, alta tasa reproductiva y comportamiento territorial (Mendoza, 2007).

En México se registró el primer reporte de pez diablo en el año 1995, en el río Mezcala, en la cuenca de río Balsas, Guerrero, y se han expandido con rapidez. En general se han identificado seis especies en el país: dos del género *Hypostomus* y cuatro del género *Pterygoplichthys* (Ayala *et al.*, 2015); reportadas en distintos estados: Morelos (Deza, 2018), Campeche (Ayala *et al.*, 2014), Tabasco, Chiapas (Velázquez-Velázquez *et al.*, 2013), Veracruz (Cruz, 2013), Michoacán (Ayala-Pérez *et al.*, 2014), Sinaloa, Jalisco, Tamaulipas (Ayala *et al.*, 2015), Colima (Chávez, 2022) y Coahuila (Aguilar, 2012).

#### 5.1.1. Familia Loricariidae

Los plecos son peces del orden Siluriformes, comúnmente conocidos como bagres, que incluye 41 familias, 509 géneros y más de 4,200 especies (Fricke *et al.*, 2023). A su vez, la familia Loricariidae es una de las familias más diversas de peces de agua dulce: cuenta con siete subfamilias, 168 géneros y con más de 1,200 especies conocidas (Eschmeyer, 2023). Aunque la clasificación taxonómica de los loricaridos ha sido confusa debido a las claves taxonómicas poco rigurosas, se han implementado estudios de identificación molecular de especies para una evaluación más rápida y precisa (Angulo *et al.*, 2018).

Weber (1991) revisó la variación entre los peces diablo de la subfamilia Loricariinae y los dividió en tres géneros, con base en su morfología craneal: *Glyptoperichthys*, *Liposarcus* y *Pterygoplichthys*. El primer género contaba con un proceso supra-occipital elevado; el segundo no presentaba esta característica, pero sí un hueso supra-occipital bordeado; y el tercero sin ambos rasgos (Armbruster y Page, 2006). Sin embargo, Armbruster (2004) determinó inapropiado definir tres géneros y reconoció únicamente a *Pterygoplichthys* (tribu *Pterygoplichthyini*), que tiene un

estómago adherido a la pared dorsal de la cavidad abdominal a través de una lámina de tejido conectivo.

### **5.1.2. Género *Pterygoplichthys***

El género *Pterygoplichthys*, que actualmente contiene 28 especies (Eschmeyer, 2023), se distingue de los demás por un hueso interopercular articulado con espinas y por su gran aleta dorsal que presenta más de 10 radios (Cano, 2011). Se distribuye en Sudamérica desde las cumbres de las cordilleras de los Andes en Perú, pasando por el Amazonas de Colombia y hasta la costa de Brasil (Cruz, 2013). Son peces nocturnos que están adaptados para ver en condiciones de baja luminosidad (Cano, 2011) y su temperatura ambiente óptima es de entre 24°C a 27°C. La especie tiene un comportamiento pacífico con otras especies (Castillo-Capitán *et al.*, 2014) y puede vivir en condiciones variantes de calidad de agua. Sobre su alimentación, se puede decir que principalmente está conformada de plantas y detritus, pero también consumen larvas de diferentes invertebrados (Amador-del-Ángel *et al.*, 2014).

### **5.1.3. Clasificación taxonómica del género *Pterygoplichthys***

La identificación y clasificación de las especies del género *Pterygoplichthys*, por medio de su morfología, es confusa y algunos estudios mencionan la posibilidad de hibridación entre las especies (Deza, 2018). En la actualidad, la identificación de especies se lleva a cabo a través del código de barras genético, en el cual, se reevalúa la asignación taxonómica, aunque en varios casos resulta una identificación imprecisa o incompleta a nivel de especie (Socorro *et al.*, 2006).

## **5.2. Código de barras (caracteres moleculares)**

En 1993 se publicó el primer artículo en donde se escriben las frases en inglés “DNA barcodes, sequence, barcoding PCR” (Arnot *et al.*, 1993) y fue hasta 2002 que se publicó el segundo artículo, donde ya se menciona la frase “molecular barcodes” (Floyd *et al.*, 2002). En 2003 se mencionó la posibilidad de poder establecer un código de barras, con base en la secuencia de los nucleótidos del gen mitocondrial COX1, y sobresalen las palabras *barcodes* y *barcoding* (Hebert *et al.*, 2003).

El “Código de Barras de ADN” es un método de identificación y reconocimiento de especies que utiliza una base de datos de secuencias de ADN estandarizadas (Márquez, 2015). La metodología del código de barras de ADN se propuso inicialmente para identificar animales, a partir del código de barras primario, que es la región 5’ ‘Folmer’ del gen Citocromo C oxidasa Subunidad 1, también llamado COX1 (Collins *et al.*, 2019). El COX1 es un marcador genético, elegido como estándar para la identificación y taxonomía molecular definida mediante el sistema de código de barras (Ratnasingham y Hebert, 2007). Una de las razones para dicha



elección es la facilidad para su amplificación por PCR, dada la presencia de múltiples copias del ADN mitocondrial (mtADN) en cada célula, su condición haploide y el alto nivel de conservación que existe en su contenido entre diferentes eucariotes (García-Bastidas *et al.*, 2013). Los propósitos principales de los códigos de barras de ADN son: a) asignar especímenes desconocidos a especies y b) mejorar el descubrimiento de nuevas especies y facilitar la identificación, especialmente en organismos crípticos, microscópicos y otros organismos con morfología compleja o inaccesible (Frézal y Leblois, 2008).

El uso de código de barras de ADN es útil cuando se requiere de una identificación taxonómica precisa, cuando no hay medios obvios para emparejar adultos con especímenes inmaduros y cuando los rasgos morfológicos de las especies no se distinguen con claridad (Frézal y Leblois, 2008). En marzo de 2008, el total de registros de códigos de barras de ADN disponible era de 363,584 secuencias (50,039 especies), de las cuales, 136,338 secuencias (14,761 especies) cumplieron con los criterios de código de barras de ADN, que es una longitud mínima de secuencia de 500 pb y más de tres individuos por especie (Frézal y Leblois, 2008). Actualmente, están disponibles más de 15 millones de códigos de barras, correspondientes a 253 mil especies animales, 72 mil plantas y 25 mil hongos y otras especies (BOLDSystems, 2023)

### **5.2.1. Extracción y amplificación de ADN**

El ácido desoxirribonucleico (ADN) es una molécula con información genética para el desarrollo y funcionamiento de un organismo. Su estructura de dos cadenas enrolladas entre sí está compuesta por grupos alternados de desoxirribosa, fosfato y una de las cuatro bases nitrogenadas: adenina, guanina, tiamina y citosina (Martínez-Frías, 2010). En la actualidad, existen diversos métodos para la extracción de ADN y, en animales, generalmente se utiliza el gen COX1 como el carácter molecular de extracción e identificación rápida (Collins *et al.*, 2019).

La extracción de un fragmento de ADN en particular puede realizarse mediante varios métodos (Ríos-Sánchez *et al.*, 2016) y posteriormente, su amplificación y secuenciación depende del uso de cebadores o *primers*. Estos *primers* son secuencias cortas de ADN, normalmente de 18 a 22 nucleótidos (Bolivar *et al.*, 2014), que permiten la amplificación de fragmentos de ADN con base en el reconocimiento de los nucleótidos en su inicio y final (Tamay de Dios *et al.*, 2013). La amplificación se logra en forma exponencial a través de repetidos ciclos de diferentes periodos y temperaturas de incubación con presencia del cebador, obteniendo millones de copias del fragmento de ADN deseado (Rodríguez y Barrera, 2004).

### **5.2.2. Banco de genes**

Los bancos genéticos son repositorios que se han constituido para poder resguardar y poner a disposición pública secuencias genéticas (proteínas, ácidos nucleicos, ADN, ARN o genomas completos) de especímenes (González-Henríquez, 2020). Uno de los bancos de genes más reconocido es GenBank, el cual es la base de datos de secuencias genéticas de la National Institutes of Health (NIH). GenBank fue creada y distribuida por el Centro Nacional de Información de Biotecnología (NCBI) (Benson *et al.*, 2000). En febrero de 1986 GenBank y EMBL (European Molecular Biology Laboratory) iniciaron un esfuerzo de colaboración para poder diseñar un formato de tabla de características y estándares comunes para la práctica (Dirección General de Repositorios Universitarios, 2020).

Otra base de datos de secuencias genéticas es BOLD, el cual utiliza toda la biblioteca de secuencias estándar (barcode) de proyectos públicos y privados depositados en su base de datos (Bentos y Sosa, 2020). BOLD fue impulsado por CBOL (The Consortium for the Barcode of Life), para poder ayudar a la adquisición, almacenamiento, análisis y publicación de todos los datos moleculares enmarcados dentro del consorcio CBOL, tanto global, como por país (Ratnasingham y Hebert, 2013).

El Consorcio Internacional de Códigos de Barras de la Vida (iBOL), es una alianza de instituciones e investigaciones en 30 naciones que comenzó en 2010 para establecer una bio-documentación de los seres vivos basados en genes estandarizados (ECOSUR, 2010). iBOL después emprendió un nuevo programa llamado BIOSCAN, que amplía la biblioteca en especies, proporciona datos sobre la composición de la comunidad de miles de ecosistemas y explora las asociaciones bióticas de cientos de miles de organismos (Hobern, 2021).

### **5.3. Sistemática filogenética**

La sistemática filogenética fue propuesta por Hennig en 1950 y se basa en la comparación y agrupación de caracteres homólogos, los cuales son rasgos derivados de un antecesor común que tienen el mismo origen evolutivo (Steinmann y Florencia, 2020). Estos caracteres se utilizan para reconocer grupos monofiléticos, un grupo formado por un sólo ancestro común y todos sus descendientes, donde dos taxones son hermanos si comparten un ancestro común no compartido por ningún otro taxón (Rodríguez, 2013). Esta escuela se ha convertido en el sistema más utilizado por los sistemáticos para la reconstrucción filogenética de grupos biológicos (Goyenechea, 2007), aunque incluye varias aproximaciones filosóficas y diversos tipos de análisis.

El alineamiento de secuencias de ADN es una de las operaciones más importantes dentro de la bioinformática. Es una representación y comparación de dos o más

secuencias de cadena de ADN, ARN o estructuras primarias proteicas, que destaca las zonas de similitud entre los genes (Rucci, 2013). Después de extraído el ADN se realiza el siguiente procedimiento (Madrigal-Valverde, 2017):

1. Se obtienen dos secuencias de ADN (*forward* y *reverse*), las cuales deben guardarse cada una en un documento en formato FASTA.
2. Se debe realizar un BLAST a la secuencia *forward*, que va a consistir en hacer una búsqueda en un banco de genes (ver sección 1.1.3. Banco de genes), para encontrar datos similares y poder verificar si el gen amplificado es correcto y se empareja (por similitud) con otras secuencias existentes.

Existen cuatro tipos de alineamientos: alineamiento de pares de secuencias, alineamiento múltiple de secuencias, alineamiento global y alineamiento local. Las herramientas útiles para este fin son: EMBOSS, BLAST 2 sequence, LAlign, BCM Search Launcher y BioEdit, MSA, del EBI, DIALING en GOBICS, Mulalin, MultAlin, Servidor T-COFFEE, WebLogo, Praline, HMMER, Pole Bioinformatique Lyonnais Gerlanda, entre otros (Martínez y González, 2020).

### **5.3.1. Métodos filogenéticos**

El análisis de las Unidades Taxonómicas Operativas (OTUs) permite comprender las relaciones (evolutivas, de similitud, por distancias, etc.) entre los grupos analizados, e implica el uso de diversos algoritmos. Destaca el método Neighbor-Joining (NJ), que consiste en construir árboles basados en distancias o cantidad de similitud. Este enfoque busca pares de unidades operativas vecinas que minimicen la longitud total de la rama en cada etapa de la agrupación de OTUs a partir de un árbol (Saitou y Nei, 1987). Otros métodos incluyen Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD) (Alghamdi *et al.*, 2021), Clustering 16s rRNA for OTU Prediction (CROP) (Hao *et al.*, 2011), General Mixed Yule Coalescent (GMYC) (Pons *et al.*, 2006), Refined Single Linkage (RESL) (Rantasingham y Hebert, 2013), Monte Carlo (MCL) (Rantasingham y Hebert, 2013), Máxima Parsimonia (MP) (Grandcolas *et al.*, 2001; Bergten, 2005), y Máxima Verosimilitud (MV) (Morrone, 2017). Cada uno representa un enfoque específicos para el análisis de OTUs, abordando aspectos como divergencia genética, similitud general, agrupamiento bayesiano, patrones de ramificación y velocidad computacional (Ferrera, 2014).

## **6. MATERIAL Y MÉTODOS**

Para el presente trabajo se utilizaron organismos de *Pterygoplichthys* spp. de cuatro localidades de distintos estados: Presa Don Martín en Coahuila; Presa Tilzapotla en Morelos; sistema de Pom-Atasta en Campeche; y ríos Lacanjá y Tzendales en Chiapas.

Es importante mencionar que en esta investigación se utilizaron secuencias proporcionadas por el M. en C. Héctor Salvador Espinosa Pérez, antiguo curador de la Colección Nacional de Peces del Instituto de Biología, UNAM. A continuación, se describe brevemente el procedimiento que se siguió para la obtención de secuencias.

La extracción del ADN se realizó con el kit de purificación Qiagen®,. Se amplificó un fragmento de 655 bp de la 5'-3' región del gen COX1 con los *primers* FishF2\_t1 y FishR2\_t1 propuestos por Ward *et al.* (2005). La desnaturalización fue de 95°C por 2 min, seguido por 35 ciclos con 30 segundos a 94°C, 30 segundos a 54°C de alineamiento, un minuto de extensión a 72°C y finalmente, una extensión de 72°C durante 10 min. El material genético amplificado se envió al Laboratorio Temático de secuenciación Genómica de la Biodiversidad para su secuenciación por medio del método Sanger.

En este servicio social se realizó una comparación de las secuencias extraídas del gen COX1 de los organismos de pez diablo capturados en las localidades mencionadas, con las depositadas en las bases de datos GenBank y BOLD. Se analizaron 212 secuencias de organismos de *Pterygoplichthys* spp. revisando individualmente las cadenas "forward" y "reverse" en el programa FinchTV. Posteriormente, se alinearon y analizaron las secuencias en el programa MEGA 11 (Tamura *et al.*, 2021). El análisis de la divergencia de haplotipos entre individuos se realizó mediante una matriz de distancias, la cual describe las distancias entre todos los pares de OTUs y ayuda a generar un árbol basado en la similitud de las secuencias de ADN (Morrone, 2017). Las comparaciones se hicieron con el modelo de distancia de Kimura 2 parámetros "K2P", que es una medida apropiada y se puede utilizar la distancia gamma para corregir uniformemente los valores cuando exista variación en la velocidad de sustitución para diferentes sitios del alineamiento (Kimura, 1980).

Para la representación gráfica de la relación entre secuencias se construyó un dendrograma con el algoritmo Neighbour Joining creado por Saitou y Nei (1987), después se exportó al programa FigTree v1.4.4 para agregar la escala y detallar el dendrograma. De aclararse que se agregaron 14 secuencias del GenBank de organismos del mismo género y de un organismo de la familia Callichthyidae, como grupo externo, para enraizar el árbol.

## **7. RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

Se obtuvieron 212 secuencias del gen COX1 (correspondientes a 106 ejemplares), de las cuales se eliminaron las secuencias nulas. Posteriormente, se compararon

las dos cadenas de cada ejemplar, o secuencias “forward” y “reverse”, y se seleccionaron únicamente las que estuvieran suficientemente limpias (sin demasiado ruido en el cromatograma) y que consistieran en un mínimo de 33 pb. Una vez identificados los fragmentos útiles, se recortaron los extremos de las secuencias para eliminar fragmentos redundantes o erróneos que resultan de errores en la amplificación, secuenciación por una degradación del ADN de origen. Martínez-López *et al.* (2012), mencionan que es importante obtener secuencias de alta calidad para un mejor análisis genético. Finalmente, el análisis se realizó con 26 secuencias viables (Tabla 1).

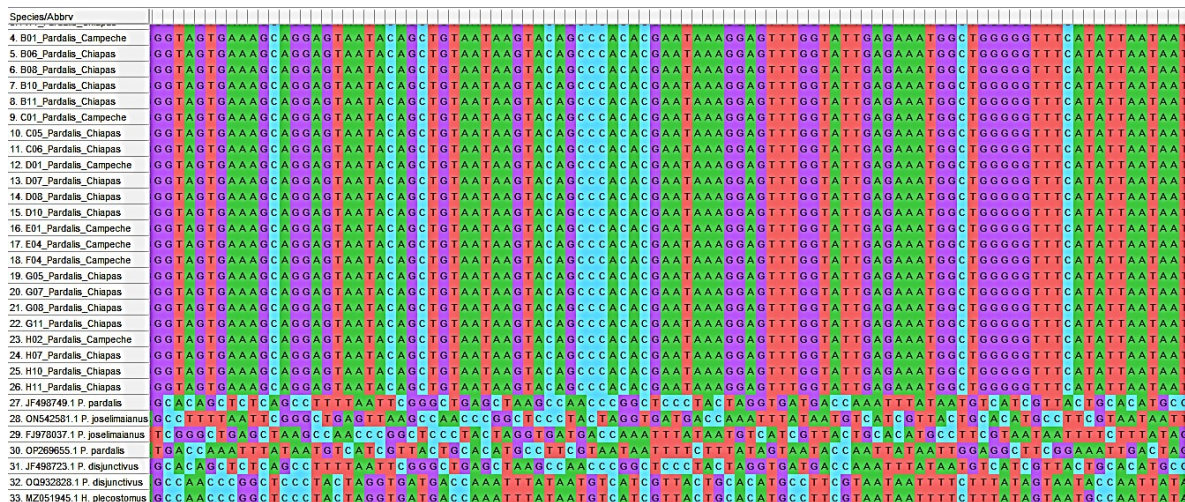
**Tabla 1.** Secuencias de organismos viables.

No. Organismo	Clave	Lugar de recolección
1	A01F2	Campeche
2	A10S2	Chiapas
3	A11S2	Chiapas
4	B01F2	Campeche
5	B06S2	Chiapas
6	B08S2	Chiapas
7	B10S2	Chiapas
8	B11S2	Chiapas
9	C01F2	Campeche
10	C05S2	Chiapas
11	C06S2	Chiapas
12	D01F2	Campeche
13	D07S2	Chiapas
14	D08S2	Chiapas
15	D10S2	Chiapas
16	E01F2	Campeche
17	E04F2	Campeche
18	F04F2	Campeche
19	G05S2	Chiapas
20	G07S2	Campeche
21	G08S2	Chiapas
22	G11S2	Chiapas
23	H02F2	Campeche
24	H07S2	Chiapas
25	H10S2	Chiapas
26	H11S2	Chiapas

Cada una de las 26 secuencias se comparó con la información genética de COX1 publicada en GenBank, utilizando BLAST (anexo 1). El resultado fue una similitud de 100% con las especies *Pterygoplichthys pardalis*, *Pterygoplichthys scrophus*, *Pterygoplichthys joselimaianus*, *Pterygoplichthys disjunctivus* e *Hypostomus*

*plecostomus*. De igual manera, Bijukumar *et al.* (2015) analizaron secuencias de COX1 de *Pterygoplichthys* spp. y las compararon con información de GenBank, encontrando una similitud de 100% con *P. pardalis*, *P. disjunctivus* y *P. joselimaianus*.

El alineamiento de las 40 secuencias totales (371pb) resultó en una similitud del 100% entre las 26 secuencias de nuestro estudio (Figura 1), mientras que estas tuvieron una distancia genética más marcada con las secuencias externas. Es importante mencionar que en el alineamiento las especies agregadas fueron *P. pardalis*, *P. joselimaianus*, *P. disjunctivus* e *Hypostomus plecostomus*, obtenidas de GenBank. En el estudio de Sahoo *et al.* (2022), se analizaron 30 secuencias de *Pterygoplichthys* spp. con un tamaño de 581pb, que mostraron una similitud del 100% entre sí.



**Figura 1.** Bases de datos en FASTA con la alineación de las 26 muestras y de las secuencias obtenidas de GenBank. Se observa la sección de la base 39 a 136.

En la figura 3 se muestra la matriz de distancias, que muestra baja divergencia en los haplotipos, tanto a nivel de individuo, como de población, con un porcentaje de 0.003% entre *P. pardalis* del estado de Chiapas y *P. pardalis* del estado de Campeche. Estos resultados coinciden con el trabajo de Jumawan *et al.* (2011) quienes identificaron seis haplotipos del gen COX1 de *P. pardalis* y *P. disjunctivus* con baja divergencia genética, lo que indicaría que todos los especímenes corresponden a una sola especie, a pesar de la diferencia morfológica (patrones ventrales) que poseen. De la misma manera, Tapia- Varela *et al.* (2021) demuestran que la taxonomía morfológica y los patrones abdominales entre ejemplares putativos de *P. pardalis* y *P. disjunctivus* en la planicie costera de San Blas, Nayarit, en México, representan formas híbridas entre ambas especies.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1. A01 Pardalis Campeche											
2. A10 Pardalis Chapas	0 0031513654										
3. A11 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000									
4. B05 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000								
5. B01 Pardalis Campeche	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000							
6. B08 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000						
7. B10 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000					
8. B11 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000				
9. C01 Pardalis Campeche	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000			
10. C05 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000		
11. C06 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	
12. D01 Pardalis Campeche	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
13. D07 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
14. D08 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
15. D10 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
16. E01 Pardalis Campeche	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
17. E04 Pardalis Campeche	0 0000000000	0 0030091216	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
18. F04 Pardalis Campeche	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
19. G05 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
20. G07 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
21. G08 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
22. G11 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
23. H02 Pardalis Campeche	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
24. H07 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
25. H10 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000
26. H11 Pardalis Chapas	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000	0 0000000000

Figura 3. Matriz de distancia de las secuencias del estudio.

En la figura 4 se puede observar que se formaron tres grupos en el dendrograma: En la primera rama están las secuencias obtenidas en este estudio; en la segunda rama se muestran las secuencias obtenidas de GenBank, de especies cercanas a nuestro grupo de estudio; y finalmente, el grupo externo corresponde a especies del mismo orden (Siluriformes), pero diferente familia (Callichthyidae) que el grupo de estudio, lo que es útil para enraizar el árbol y proporcionar una referencia para contrastar la similitud entre las secuencias del grupo de estudio.

La similitud entre las secuencias obtenidas en este estudio (y la imposibilidad para discernir entre especies y poblaciones) podría deberse a las limitantes que representa el uso de un solo gen (Jumawan *et al.*, 2011) y a la precaria condición de las secuencias con que se trabajó, ya que el fragmento resultó ser demasiado pequeño y podría estar representando una región altamente conservada que no presenta variación suficiente para detectar especies y, mucho menos, poblaciones. Lo anterior es especialmente notorio al considerar que en el estudio de Jumawan *et al.* (2011), quienes también analizaron la similitud de secuencias COX1, sí se obtuvieron dos grupos (uno incluyendo ejemplares de *P. pardalis* y otro con ejemplares de *P. disjunctivus*), lo que parece indicar que sí es posible identificar especies de peces diablo con este gen, al menos de ciertas poblaciones y con un fragmento más completo.

De cualquier manera, este y otros estudios demuestran que el uso de este marcador genético particular no cubre todas las necesidades de *código de barras* con estos ejemplares, ya sea por la posibilidad de hibridación entre especies y por el origen en común de los haplotipos, que podrían rastrearse a las mismas fuentes de acuario. Por lo tanto, se considera necesario incluir otros marcadores genéticos,

especialmente de ADN mitocondrial (ya que el ADN nuclear no ofrece tantos sitios variables observables entre especies) y, posiblemente, estudios de microsatélites o genoma completo.

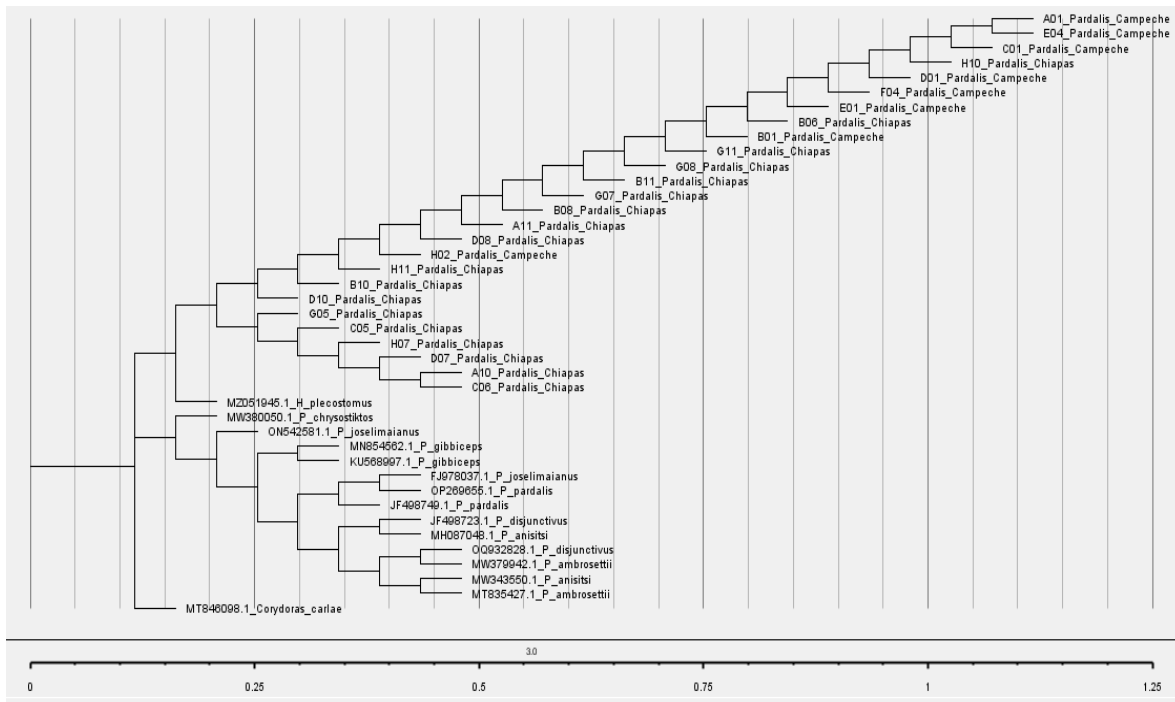


Figura 4. Dendrograma de *Pterygoplichthys* spp.

## 8. CONCLUSIÓN

Las especies de *Pterygoplichthys* spp. analizadas en este estudio mostraron 100% de similitud entre sí. Se sugiere obtener fragmentos más grandes del gen COX1, así como considerar otros genes y realizar análisis más detallados para poder determinar la variabilidad genética entre los organismos de este género. Además, se sugiere la inclusión de ejemplares de acuario y de otras poblaciones establecidas en medio silvestre, para su comparación.

## 9. REFERENCIAS

- Aguilar, H. 2012. Pez diablo en el río Bravo, en Zócalo. Consulta: 13 de abril de 2023  
 Disponible en: <https://www.zocalo.com.mx/pez-diablo-en-el-rio-bravo/>
- Aguilar, V. (2005). Especies invasoras: una amenaza para la biodiversidad y el hombre. *Biodiversitas*, 7-10.
- Alghamdi, S., Bajo, L., Alkathiry, H., Alagaili, A., McGarry, J. y Makepeace, B. (2021). Automatic Barcode gap discovery reveals diverse clades of *Rhipicephalus*



- spp. and *Haemaphysalis* spp. ticks from small mammals in 'Asir, Saudi Arabia. *Parasites Vectors*, 14(541). DOI: 10.1186/s13071-021-05049-x
- Amador-del Ángel, L. E., Wakida, A., Del Carmen, E., Brito, R. y Cabrera, P. (2009). Peces invasores de agua dulce en la región de la Laguna de Términos, Campeche. *Tecnociencia*, 3(2):11-28.
- Amador-del Ángel, L.E y Wakida-Kusunoki, A. (2014). *Peces invasores en el sureste de México*. En: Mendoza-Alfaro, P. Koleff-Osorio. Especies acuáticas invasoras en México Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México. pp.425-433.
- Amador-del Ángel, L.E., Guevara, E., Brito, R., y Endañú, E. (2014). Aspectos biológicos e impacto socioeconómico de los plecos del género *Pterygoplichthys* y dos cíclidos no nativos en el sistema fluvio lagunar deltaico Río Palizada, en el Área Natural Protegida Laguna de Términos, Campeche (informe final SNIB- CONABIO, Universidad Autónoma del Carmen). 22p.
- Angulo, C., Rengifo, D., Navas, M., Del Águila, E., Castro- Ruiz, D., Sánchez, H., García-Vásquez, A., Mejía, E., Nakagawa, N., Zuta, L., Renno, J.F. y García-Dávila, C. (2018). Aplicación del Barcoding para la estimación de la diversidad específica de la familia Loricariidae (Pisces: Siluriformes) en la región san Martín, Amazonía peruana. *Revista del Instituto de investigaciones de la Amazonía Peruana*, 27(1):69-90. DOI: 10.248441/fa.v27i1.458
- Armbruster, J. W. y Page, L. M. (2006). Redescription of *Pterygoplichthys punctatus* and description of a new species of *Pterygoplichthys* (Siluriformes: Loricariidae). *Neotropical Ichthyology*, 4(4):401-410. DOI: 10.1590/S1679-62252006000400003
- Armbruster, J. W. (2004). Phylogenetic relationship of the suckermouth armoured catfishes (Loricariidae) with emphasis on the Hypostominae and the Ancistrinae. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 141:1-80. DOI: 10.1111/J.1096-3642.2004.00109.X
- Arnot, D. E., Roper, D. y Bayoumi, R. A. (1993). Digital codes from hypervariable tandemly re-peated DNA sequences in the *Plasmodium falciparum* circumsporozoite gene can genetically barcode isolates. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 61(1):15-24. DOI: 10.1016/0166-6851(93)90154-p
- Ayala-Pérez, L. A., Pineda-Peralta, A. D., Álvarez-Guillén, H. y Amador-del-Ángel., L. E. (2014). *El pez diablo (Pterygoplichthys spp.) en las cabeceras estuarinas de la Laguna de Términos, Campeche*. En: Low-Pfeng, A. M., Quijon, P.A. y Peters-Recagno, E.M. Especies Invasoras Acuáticas: Casos de estudio en ecosistemas de México. Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales. México. pp. 313-336.
- Ayala-Pérez, L. A., Vega, B. I., Terán, G. J. y Martínez, G. E. (2015). El pez diablo en México. Guía para administradores y usuarios de recursos pesqueros. Universidad Autónoma Metropolitana, CONANP, PROCER. México. 63p.

- Benson, D. A., Karsch-Mizrachi, I., Lipman, D. J., Ostell, J., Rapp, B. A. y Wheeler, D. (2000). GenBank. *Nucleic Acids Research*, 28(1):15-18. DOI: 10.1093/nar/28.1.15
- Bentos, F. y Sosa, F. (2020). Aplicación del código de barras de ADN (DNA barcoding) para la identificación de especies vegetales de interés industrial. *Revista del Laboratorio Tecnológico del Uruguay, INNOTEC*, 20:117-138. DOI: 10.26461/20.06
- Bergten, J. (2005). A review of long-branch attraction. *Cladistics*, 21(2):163-193. DOI: 10.1111/j.1096-0031.2005.00059.x
- Bijukumar, A., Smrithy, R., Sureshkumar, U. y George, S. (2015). Invasion of South American suckermouth armoured catfishes *Pterygoplichthys* spp. (Loricariidae) in Kerala, India—a case study. *Journal of Threatened Taxa*, 7(3):6987-6995. DOI: 10.11609/jott.1897.6987-6995
- BOLDSYSTEMS. (5 enero 2023). Sistema de datos de código de barras de vida. Consulta: 13 de abril de 2023 Disponible en: [Sistemas audaces v4 \(boldsystems.org\)](http://boldsystems.org)
- Bolivar, A. M., Rojas, A. y García-Lugo, P. (2014). PCR y PCR- Múltiple: parámetros críticos y protocolo de estandarización. *Avances de Biomédicas*, 3(1):25- 33.
- Cano, M. P. (2011). El plecos (*Pterygoplichthys* spp): su invasión y el abordaje de las cooperativas balcanenses. Tesis de doctorado. Colegio de la frontera sur. México. 162p.
- Cardoso, Y. (2013). Filogenia molecular, biogeografía y procesos de diversificación de peces neotropicales, familia Loricariidae (Siluriformes). Tesis de doctorado. Universidad Nacional de la Plata. Argentina. 293p.
- Castillo-Capitán, G., Cruz-León, Z., Meiners-Mandujano, C. G., Hernández-Romero, A. H. y Rodríguez-Orosco, N. (2014). Dinámica poblacional del pez invasor del género *Pterygoplichthys* en la cuenca de Chacalapa (Cuenca de Coatzacoalcos) Veracruz, México. *Biológico Agropecuario Tuxpan*, 2(3):503-507. DOI: 10.47808/revistabioagro.v2i1.277
- Castro, Y. T. (2019). Evaluación de la viabilidad de explotación agroindustrial de ejemplares de *Pterygoplichthys* sp. a partir del desarrollo morfológicos, los hábitos alimenticios y los rendimientos de músculos y subproductos. Tesis de licenciatura. Universidad de la Costa. Colombia. 66p.
- Chávez, J. A. (2022). Evaluación de la dinámica poblacional del pez diablo en el río Amacuzac y la Presa Emiliano Zapata en Tilzapotla Morelos. Tesis de maestría. Universidad Autónoma Metropolitana. México. 122p.
- Collins, R., Bakker, J., Wangensteen, O. S., Soto, A. Z., Corrigan, L., Sims, D. W., Genner, M. J. y Mariani, S. (2019). Non-Specific amplification compromises environmental DNA metabarcoding with COI. *Methods in Ecology and Evolution*, 10:1985- 2001. DOI: 10.1111/2041-210X.13276
- Comité Asesor Nacional sobre Especies Invasoras. (2010). Estrategia nacional sobre especies invasoras en México, prevención, control y erradicación. CONABIO, CONANP, SEMARNAT. México. 94p.
- Cruz, Z. (2013). Dinámica poblacional del pez invasor del género *Pterygoplichthys* en la cuenca de Chacalapa y primeros registros de su distribución en la

- Cuenca baja de Coatzacoalcos, Veracruz, México. Tesis de licenciatura. Universidad Veracruzana. México. 55p.
- Deza, P. S. (2018). Distribución y aspectos reproductivos del género *Pterygoplichthys* sp. En la Cuenca del Río Amacuzac, Morelos. Tesis de maestría. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. México. 87p.
- Dirección General de Repositorios Universales. (2020). Estándar para datos de frecuencia de ADN (GenBank) (Versión 2). SDI-UNAM. México. 77p.
- ECOSUR. 2010. Informe anual ECOSUR 2010. El Colegio de la Frontera Sur. México. 206p.
- Eschmeyer's. (2023 noviembre 05). Eschmeyer's Catalog of Fishes. Institute for Biodiversity Science and Sustainability. Consulta: 13 de abril de 2023 Disponible en:  
<https://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>
- Espinosa-Pérez, H. y Ramírez, M. (2015). Exotic and invasive fishes in Mexico. *Check List*, 11(3):1627. DOI: 10.15560/11.3.1627
- Ferrera, M. R. (2024). Patrones filogenéticos del género *Mustelus* en el Pacífico nororiental. Tesis maestría. Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada. México. 61p.
- Floyd, R., Lima, J., deWaard, J., Humble, L. y Hanner, R. (2002). Common goals: policy implications of DNA barcoding as a protocol for identification of arthropod pests. *Biological Invasions*, 12:2947-2954. DOI: 10.1007/s10530-010-9709-8
- Frézal, L. y Leblois, R. (2008). Four years of DNA barcoding: current advances and prospects. *Infection, Genetics and Evolution*, 8:727-736. DOI: 10.1016/j.meegid.2008.05.005
- Fricke, R., Van Der Laan, R. y Eschmeyer, W. (2023). Eschmeyer's Catalog of Fishes. California Academy of Science. Online Version. Consulta: 13 de abril de 2023 Disponible en:  
<https://researcharchive.calacademy.org/research/ichthyology/catalog/fishcatmain.asp>
- Gaona, T. M. (2021). Análisis de las características morfométricas de *Pterygoplichthys* spp. en cuatro localidades de México. Tesis de licenciatura. Universidad Autónoma Metropolitana. México. 31p.
- García-Bastidas, N., Gutiérrez-Sánchez, P. y Marín-Montoya, M. (2013). Desarrollo de marcadores microsatélites y mitocondriales para estudios de variación genética de *Spongospora subterranea* f. sp. subterranea. *Bioagro*, 25(2): 91-100.
- González-Henríquez, N. (2020). Los bancos genéticos y su papel en la conservación, gestión y trazabilidad de la biodiversidad marina en Iberoamérica: caso península de Santa Elena, Ecuador. *Foro Iberoamericano de los Recursos Marinos y la Acuicultura*, 9:30-41.

- Goyenechea, I. (2007). Sistemática: su historia, sus métodos y sus aplicaciones en las serpientes del género *Conopsis*. *CIENCIA ergo-sum*, 14(1):54- 62.
- Grandcolas, P., Deleporte, P., Desutter-Grandcolas, L. y Daugeron, C. (2001). Phylogenetics and Ecology: As many characters as possible should be included in the cladistic analysis. *Cladistics*, 17(1):104-110. DOI: 10.1006/clad.2000.0149
- Hao, X., Jiang, R., y Chen, T. (2011). Clustering 16s rRNA for OTU prediction: a method of unsupervised Bayesian Clustering. *Bioinformatics*, 27(5):611-618. DOI: 10.1093/bioinformatics/btq725
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L. y De-Waard, J. R. (2003). Biological identification through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society*, 270:313-321. DOI: 10.1098/rspb.2002.2218
- Hobern, D. (2021). BIOSCAN: DNA Barcoding to accelerate taxonomy and biogeography for conservation and sustainability. *Canadian Science Publishing*, 64(3):161-164. DOI: 10.1139/gen-2020-0009
- Jumawan, J. C., Vallejo, B. M., Herrera, A. A., Buerano, C. C. y Fontanilla, I. K. C. (2011). DNA barcodes of the suckermouth sailfin catfish *Pterygoplichthys* (Siluriformes: Loricariidae) in the Marikina River system, Philippines: Molecular perspective of an invasive alien fish species. *Philippine Science Letters*, 4(2):103-113.
- Kimura, M. (1980). A simple model for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16:111-120. DOI: 10.1007/BF01731581.
- Madrigal-Valverde, K. A. (2017). Uso de herramientas para la alineación de secuencias y creación de árboles filogenéticos para la determinación de especies. *Tecnología en Marcha*, 4:30- 34. DOI: 10.18845/tm.v30i5.321
- March, I y Martínez, M. (2007). Especies invasoras de alto impacto a la biodiversidad, prioridades en México. Instituto Mexicano de Tecnología del Agua, CONABIO, GECI, AridAmérica, The Nature Conservancy. México. 73p.
- Marengo, Y. (2010). El pez diablo: una especie exótica invasora. *Biocenosis*, 23(2):16-19.
- Márquez, C. (2015). Aplicación de los códigos de barras de ADN en el descubrimiento de la diversidad animal marina. *CICIMAR oceánides*, 30(2): 35-42. DOI: 10.37543/oceanides.v30i2.150
- Martínez, A. y González, A. (2020). Aplicaciones de la bioinformática en la elaboración de filogenias moleculares. Departamento de Biología Celular y Molecular. Universidad da Coruña. España. 30p.
- Martínez-Frías, M. L. (2010). Estructura y función del ADN y de los genes. I Tipo de alteraciones de la función del gen por mutaciones. *SEMERGEN*, 36(5):273-277. DOI: 10.1016/j.semereg.2009.12.014
- Martínez-López, M. C., De la Cruz, F., Cortes- Peñaloza, J. L., Cadena- Sandoval, D. y Zamarrón-Licona, E. (2012). Genes de Isla CpG amplificados con la

- mezcla formamida albúmina sérica bovina y dimetilsulfóxido. *Acta Bioquímica de la Provincia de Buenos Aires*, 46(2):285-292.
- Mazzoni, R., Caramaschi, U. y Weber, C. (1994). Taxonomical revision of the species of *Hypostomus* Lacépède, 1803 (Siluriformes, Loricariidae) from the lower rio Paraíba do Sul, state of Rio de Janeiro, Brazil. *Revue suisse de Zoologie*, 101(1):3-18. DOI: 10.5962/bhl.part.79897
- Mendoza, R., Contreras, S., Ramírez, C., Koleff, P., Álvarez, P. y Aguilar, V. (2007). Los peces diablo: especies invasoras de alto impacto. *Biodiversitas*, 70:1-5.
- Morrone, J. (2017). Sistemática, fundamentos, métodos, aplicaciones. Universidad Nacional Autónoma de México. México. 501p.
- Page, R. D. (2006). GeneTree: comparing gene and Species phylogenies using reconciled trees. *Bioinformatics*, 14(9):819-820. DOI: 10.1093/bioinformatics/14.9.819
- Pons, J., Barraclough, T., Gómez-Zurita, J., Cardoso, A. y Duran, D. (2006). Delimitación de especies basada en secuencias para la taxonomía de ADN de insectos no descritos. *Biología sistemática*, 55:595–609. DOI: 10.1080/10635150600852011
- Rahman, N. N. (2007). Bioinformatics: Analyzing DNA sequence using BLAST. Department of Computer Science and Engineering, BRAC University. Bangladesh. 30p.
- Rantasingham, S. y Hebert, P. (2007). Una herramienta de ADNmt en línea para la identificación de especies de psitácidos neotropicales y cuestiones taxonómicas: un caso de estudio del complejo Amazona ochrocephala. *Scientific Research an Academic Publisher*, 7:335-364. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>
- Rantasingham, S. y Hebert, P. (2013). A DNA-Based registry for all animal species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLoS ONE*, 8(8): e66213. DOI: 10.1371/journal.pone.0066213
- Ríos-Sánchez, E., Calleros, E., González-Zamora, A., Rubio, J., Martínez, O., Martínez, A., Hernández, S. y Pérez- Morales, R. (2016). Análisis comparativo de diferentes métodos de extracción de ADN y su eficiencia de genotipificación en población mexicana. *Acta Universitaria Multidisciplinary Scientific Journal*, 26(4):56-65. DOI: 10.15174/au.2016.1078
- Rodríguez, E. (2013). Conceptos básicos de la filogenética molecular. CINVESTAV-Tamaulipas. México. 43p.
- Rodríguez, I. M. y Barrera, H.A. (2004). La Reacción en Cadena de la Polimerasa a dos décadas de su invención. *Ciencia UANL*, 7(3):323-335.
- Rucci, E. (2013). Computación eficiente del alineamiento de secuencias de ADN sobre clúster de multicolor. Tesis de especialidad. Universidad Nacional de La Plata. Argentina. 64p.
- Saitou, N. y Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*, 4(4):406-425. DOI: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454

- Shao, L., Paramitas, P., Hussan, A., Mohapatra, A y Kumar, J. (2022). DNA barcoding delineates the identity of invasive South American sucker mouth armoured catfishes of genus *Pterygoplichthys* of East Kolkata Wetland, West Bengal, India as single species. *Indian J. Fish*, 69(4):115- 118.
- Socorro, Y., Gómez, L. M. y Álvarez, E. (2006). Las claves de identificación de los seres vivos como medio didáctico en biología taxonómica. Tesis de licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua. Nicaragua. 51p.
- Steinman, A., y Florencia, M. (2020). Biología y diversidad animal: reconstrucción filogenética: actividades de interpretación y reelaboración de resultados de investigación en distintos sistemas de representación. UniRío editora. Argentina. 139p.
- Tamay de Dios, L., Ibarra, C. y Velasquillo, C. (2013). Fundamentos de la Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. *Medigraphic*, 2(2):70-78.
- Tamura, K., Stecher, G., y Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7):3022–3027. DOI: 10.1093/molbev/msab120
- Tapia-Varela, J. R., Palacios-Salgado, D. S., Ponce-Palafox, J. T., Romero-Bañuelos, C. A., Nieto-Navarro, J. T., Aguiar-García, P. y Wakida-Kusunoki, A. T. (2021). Record and establishment of the non-native Loricariid catfish genus *Pterygoplichthys* (Siluriformes: Loricariidae) in the Coastal Plain of San Blas, Nayarit, Southeast gulf of California, Mexico. *Limnetica*, 40(1):93-102.
- Vega, B. I., Ayala, L. A., Terán, G. E. y Chávez, J. A. (2016). El pez diablo en México. protocolo de prevención, respuesta rápida y control. Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco. México. 158p.
- Velázquez-Velázquez, E., Romero-Berny, E. I. y López-Vila, J. M. (2013). El pez diablo: especie invasora en Chiapas. *Lacandonia*, 7(1):99-104.
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R. y Hebert, P. D. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462):1847-1857. DOI: 10.1098/rstb.2005.1716
- Weber, C. (1991). Nouveaux taxa dans *Pterygoplichthys* sensu lato (Pisces, Siluriformes, Loricariidae). *Reveuau Suisse de Zoologie*, 98:637-643. DOI: 10.5962/bhl.part.82074
- Zavala-Leal, I., Palacios-Salgado, D., Ruiz-Velazco, M., Nieto-Navarro, J. T., Cadena-Roa, M. A., Domínguez-Ojeda, D., Pacheco-Vega, J. M. y Valdez-González, F. (2019). Periodo reproductivo del bagre Chihuil *Bagre Panamensis* (Siluriformes: Ariidae) en el sureste del Golfo de California. *Revista de Biología Marina y Oceanografía*, 54(1), 21-27. DOI: 10.22370/rbmo.2019.54.1.1459

## ANEXO 1

Comparación de similitud entre la cadena de 26 muestras de *Pterygoplichthys* spp. con datos de NCBI GenBank.

No.	Código Pleco	Identidades %	Base de datos GenBank	Banco de código
1	A01F2	100%	- <i>P. pardalis</i> - <i>P. scrophus</i> - <i>P. joselimaianus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1 - ON542582.1
2	A10S2	100%	- <i>P. Pardalis</i> - <i>P. scrophus</i> - <i>P. joselimaianus</i> <i>Hypostomus plecostomus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1 - ON542582.1 KF410695.1
3	A11S2	100%	- <i>P. Pardalis</i> - <i>P. scrophus</i> - <i>P. joselimaianus</i> - <i>Hypostomus plecostomus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1 - ON542582.1 - KF410695.1
4	B01F2	100%	- <i>P. Pardalis</i> - <i>P. scrophus</i> - <i>P. joselimaianus</i> - <i>Hypostomus plecostomus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1 - ON542582.1 - KF410695.1
5	B06S2	100%	- <i>P. Pardalis</i> - <i>P. scrophus</i> - <i>P. joselimaianus</i> - <i>P. disjunctivus</i> - <i>Hypostomus plecostomus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1 - ON542582.1 - JF498719.1 - KF410695.1
6	B08S2	100%	- <i>P. Pardalis</i> - <i>P. scrophus</i> - <i>P. joselimaianus</i> - <i>P. disjunctivus</i> - <i>Hypostomus plecostomus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1 - ON542582.1 - JF498719.1 - KF410695.1
7	B10S2	100%	- <i>P. Pardalis</i> - <i>P. scrophus</i> - <i>P. joselimaianus</i> - <i>P. disjunctivus</i> - <i>Hypostomus plecostomus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1 - ON542582.1 - JF498719.1 - KF410695.1
8	B11S2	100%	- <i>P. Pardalis</i> - <i>P. scrophus</i>	- MN854556.1 - MN854555.1

			<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>9</b>	CO1F2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>10</b>	C05S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>11</b>	C06S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>12</b>	D01F2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>13</b>	D07S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>14</b>	D08S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>15</b>	D10S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>16</b>	E01F2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> </ul>



			<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>17</b>	E04F2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>18</b>	F04F2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>19</b>	G05S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>20</b>	G07S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>21</b>	G08S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>22</b>	G11S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>23</b>	H02F2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>24</b>	H07S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> </ul>

			<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>25</b>	H10S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>
<b>26</b>	H11S2	100%	<ul style="list-style-type: none"> <li>- <i>P. Pardalis</i></li> <li>- <i>P. scrophus</i></li> <li>- <i>P. joselimaianus</i></li> <li>- <i>P. disjunctivus</i></li> <li>- <i>Hypostomus plecostomus</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- MN854556.1</li> <li>- MN854555.1</li> <li>- ON542582.1</li> <li>- JF498719.1</li> <li>- KF410695.1</li> </ul>