



UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
ESCUELA DE POSGRADO

TESIS DE DOCTOR EN CIENCIAS AMBIENTALES

**Identificación mediante la técnica de *DNA barcode* de los
peces de manglar de la región Tumbes. 2016 – 2018**

Alberto Ordinola Zapata

TUMBES, PERÚ

2020



UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
ESCUELA DE POSGRADO

TESIS DE DOCTOR EN CIENCIAS AMBIENTALES

**Identificación mediante la técnica de *DNA barcode* de los
peces de manglar de la región Tumbes. 2016 – 2018**

Alberto Ordinola Zapata

TUMBES, PERÚ

2020

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD

Yo Alberto Ordinola Zapata, declaro que los resultados de esta tesis, son producto de mi trabajo con el apoyo permitido de terceros en cuanto a su concepción y análisis. Asimismo, declaro que hasta donde yo sé no contiene material previamente publicado o escrito por otra persona, excepto donde se reconoce como tal a través de citas y con propósitos exclusivos de ilustración o comparación.

En este sentido, afirmo en cuanto a la concepción y al estilo de la presentación o a la expresión escrita, que cualquier información presentada sin citar a un tercero es producto de la investigación llevada a cabo con la dirección y apoyo de mis asesores y jurado calificador.

Alberto Ordinola Zapata

ACTA DE REVISIÓN Y SUSTENTACIÓN DE TESIS



UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES ESCUELA DE POSGRADO

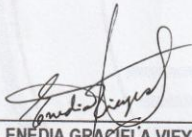
ACTA DE SUSTENTACION DE TESIS

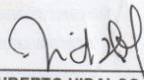
En Tumbes, a los treinta días del mes de mayo del año dos mil diecinueve, a las 15:00 horas, en la sala de reuniones de la EPG, se reunieron los miembros del Jurado designados con Resolución Directoral N° 0222-2016/UNT-EPG-CE, Dra. ENEDIA GRACIELA VIEYRA PEÑA - Presidenta; Dr. AUBERTO HIDALGO MOGOLLON Secretario; Dr. OSCAR AUGUSTO MENDOZA NEYRA, Dr. ERIC MIALHE y Ph. D. VIRNA CEDEÑO ESCOBAR - Miembros; y con Resolución Directoral N° 0104-2019/UNTUMBES-EPG-D se fijó la fecha de sustentación y defensa de la Tesis Doctoral: **Identificación mediante la técnica de DNA barcode de los peces de manglar de la Región Tumbes. 2016 - 2018**; presentada por el estudiante del Programa de Doctorado en Ciencias Ambientales, Mg. ALBERTO ORDINOLA ZAPATA, asesorado por el Dr. PEDRO SAUL CASTILLO CARRILLO y coasesorado por la Dra. Dra. ZOILA RAQUEL SICCA RAMIREZ.

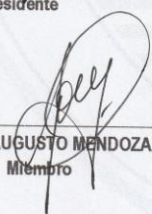
Concluida la exposición y sustentación, absueltas las preguntas y efectuadas las observaciones, lo declaran: **SOBRESALIENTE**, dando cumplimiento al Art. 29° del Reglamento de Investigación con fines de Graduación en la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes.

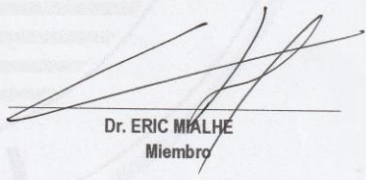
Siendo las 16:00 horas, se dio por concluido el acto académico, y dando conformidad se procedió a firmar la presente acta en presencia del público.

Tumbes, 30 de mayo de 2019.


Dra. ENEDIA GRACIELA VIEYRA PEÑA
Presidenta


Dr. AUBERTO HIDALGO MOGOLLON
Secretario


Dr. OSCAR AUGUSTO MENDOZA NEYRA
Miembro


Dr. ERIC MIALHE
Miembro

Ph. D. VIRNA CEDEÑO ESCOBAR
Miembro

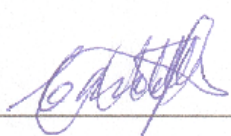
C.c. Jurado de Proyecto de Tesis (5), Asesor (1), sustentante (1), UI (2)

RESPONSABLES

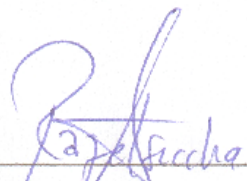
Alberto Ordinola Zapata


EJECUTOR

Dr. Pedro Saúl Castillo Carrillo


ASESOR

Dra. Zoila Raquel Siccha Ramírez


CO-ASESORA

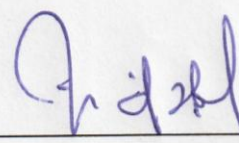
JURADO DICTAMINADOR

Dra. ENEDIA GRACIELA VIEYRA PEÑA



PRESIDENTE

Dr. AUBERTO HIDALGO MOGOLLÓN



SECRETARIO

Dr. OSCAR AUGUSTO MENDOZA NEYRA



MIEMBRO

Ph.D. ERIC MIALHE



MIEMBRO

Ph.D. VIRNA CEDEÑO ESCOBAR



MIEMBRO

CONTENIDO

	Pág.
RESUMEN	xii
ABSTRACT	xiii
1. INTRODUCCIÓN	14
2. MARCO REFERENCIAL DEL PROBLEMA	16
2.1. Antecedentes.....	16
2.2. Bases teóricas	20
2.2.1. Biodiversidad	20
2.2.2. Ecosistema del manglar	22
2.2.3. Identificación de especies de peces	24
2.2.4. Identificación molecular.....	25
2.2.5. DNA <i>barcode</i>	25
2.2.6. DNA <i>barcode</i> y delimitación de especies.....	26
2.3. Definición de términos básicos:	27
3. MATERIAL Y MÉTODOS	28
3.1. Lugar y periodo de ejecución de la investigación	28
3.2. Tipo y diseño de investigación.....	28
3.3. Población, muestra y muestreo	28
3.4. Métodos, técnicas e instrumentos de recolección de datos	28
3.5. Plan de procesamiento y análisis de datos	32
3.6. Recolección de datos	33
4. RESULTADOS	34
4.1. Especies de peces identificadas morfológicamente	34
4.2. Composición nucleotídica del fragmento de gen COI secuenciado	36
4.3. Distancias genéticas intraespecíficas	37
4.4. Distancia genéticas interespecíficas.....	38
4.5. Distancias genéticas a diferentes niveles taxonómicos.....	40
4.6. Especies de peces identificadas mediante DNA <i>barcode</i>	40
4.7. Especies de peces identificadas mediante consenso entre características morfológicas y DNA <i>barcode</i>	42

4.8. Número de ejemplares reportados según tipo de identificación	45
4.9. Análisis de Detección Automática de Barcode Gap (ABGD)	46
4.10. Análisis mediante el Modelo Generalizado Mixto de Yule y Coalescencia (GMYC)	50
4.11. Especies inferidas a partir de los métodos de NJ, ABGD y GMYC	52
5. DISCUSIÓN	54
6. CONCLUSIONES	60
7. RECOMENDACIONES	61
8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	62
9. ANEXOS	75

INDICE DE TABLAS

Tabla 1. Especies de peces en el manglar de Tumbes (Luque, 2008).....	18
Tabla 2. Estaciones de muestreo para la colecta de peces	30
Tabla 3. Especies de peces identificadas morfológicamente	34
Tabla 4. Parámetros del fragmento del gen COI secuenciado	37
Tabla 5. Distancia genética intraespecífica en las especies de peces	38
Tabla 6. Distancia genética basada en un fragmento de COI de los peces según nivel taxonómico	40
Tabla 7. Especies de peces identificadas mediante DNA Barcode	41
Tabla 8. Especies de peces identificadas mediante consenso entre caracteres morfológicos y DNA Barcode.....	43
Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado.....	75

INDICE DE FIGURAS

Figura 1. Ubicación de los 18 puntos de muestreo en el manglar de Tumbes	29
Figura 2. Árbol filogenético basado en Neighbor-Joining de las especies de peces identificadas en el manglar de Tumbes.....	39
Figura 3. Número de peces que pudieron ser identificados por sus características morfológicas evaluadas por taxónomos o por las bases de datos de BLAST y/o BOLD	46
Figura 4. Histograma de distancias intraespecíficas e interespecíficas.....	47
Figura 5. Pronóstico del número de especies según la divergencia intraespecífica previa.....	47
Figura 6. Árbol construido en base al barcode gap seleccionado en ABGD	49
Figura 7. Árbol construido en base al análisis de GMYC	51
Figura 8. Árbol filogenético comparativo de los métodos NJ, ABGD y GMYC	53

RESUMEN

Perú es el octavo país más megadiverso del mundo, a pesar de ello existe un alto nivel de desconocimiento de su biodiversidad, en especial la de peces, lo que impide explotarla adecuadamente. El ecosistema de manglar de Tumbes es abundante en especies ícticas. Estudios preliminares basados en características morfológicas han determinado su biodiversidad, sin utilizar DNA *barcode*. En esta tesis que forma parte del Proyecto de Investigación Básica Fondecyt - Imarpe – 192 - 2015 financiado por Fondecyt, se determinó mediante esta técnica la diversidad íctica en el ecosistema citado. Para ello se recolectaron y evaluaron 362 peces que fueron identificados morfológicamente y mediante la técnica de DNA *barcode* (fragmento del gen citocromo oxidasa I, COI), se construyó un árbol neighbor-joining (NJ) en base a las distancias genéticas, también se determinó el *barcode gap* y se estimó el número de especies usando Automatic Barcode Gap Detection (ABGD) y el modelo general mixto de Yule y coalescencia (GMYC). Se logró identificar mediante características morfológicas 87 especies, mediante DNA *barcode* 69, consensuándose la existencia de 82 especies. Mediante ABGD y GMYC se estimó que el número de especies debe ser 91, algunas de las cuales pueden ser crípticas o nuevas especies. Con potencial para la acuicultura se identificaron las especies: *Mycteroperca xenarcha*, *Paralichthys woolmani*, *Mugil cephalus*, *Centropomus* spp. *Domitator latifrons* y *Lutjanus argentivestris*; como especies invasoras a: *Poecilia reticulata*, *Oreochromis mossambicus*, *O. niloticus*, *O. aureus* y *O. urolepis*; a *Bagre panamensis* como una especie productora de compuestos bioquímicos valiosos, como peces venenosos: *Daector dowi*, *Sphoeroides* spp., *Urotrygon peruanus* y *Rypticus nigripinnis*. Se concluye que existe gran diversidad ictiológica en el manglar de Tumbes, que pueden ser explotados para impulsar el desarrollo regional y nacional.

Palabras clave: Identificación de peces, DNA *barcode*, biodiversidad íctica, manglar, Tumbes

ABSTRACT

Peru is the 8th most megadiverse country in the world, despite this there is a high level of unknowingness of its biodiversity, especially of fishes, which prevents it from being properly exploited. The mangrove ecosystem of Tumbes is abundant in fishes species. Preliminary studies have determined their biodiversity based on morphological characteristics, without using DNA *barcode*. In this thesis that forms part of the Fondecyt - Imarpe - 192 - 2015 Basic Research Project financed by Fondecyt, the fish diversity in the cited ecosystem was determined using DNA barcode technique. For this, 362 fish that were identified morphologically and by DNA barcode (fragment of the cytochrome oxidase I gene, COI) were collected and evaluated, a neighbor-joining tree (NJ) was constructed based on the genetic distances, and the barcode gap was determined, and the number of species was estimated using Automatic Barcode Gap Detection (ABGD) and mixed general model of Yule and Coalescence (GMYC). 87 species were identified by morphological characteristics, by DNA barcode 69, with consensus on the existence of 82 species. Through ABGD and GMYC it was estimated that the number of species should be 91, some of which may be cryptic or new species. With potential for aquaculture were identified species: *Mycteroperca xenarcha*, *Paralichthys woolmani*, *Mugil cephalus*, *Centropomus* spp. *Domitator latifrons* and *Lutjanus argentivestris*; invasive species such as: *Poecilia reticulata*, *Oreochromis mossambicus*, *O. niloticus*, *O. aureus* and *O. urolepis*; *Bagre panamensis* such as a species that produce valuable biochemical compounds, such as poisonous fishes: *Daector dowi*, *Sphoeroides* spp., *Urotrygon peruanus* and *Rypticus nigripinnis*. It is concluded that there is great ichthyological diversity in the Tumbes mangrove, which can be exploited to promote regional and national development.

Keywords: Fishes identification, DNA barcode, fishes biodiversity, mangrove, Tumbes.

1. INTRODUCCIÓN

La pérdida de biodiversidad es actualmente una de las mayores amenazas medioambientales (Ceballos et al., 2015). El Perú tiene la ventaja de ser uno de los 10 países más megadiversos en el planeta (ocupando el octavo lugar), cuenta con gran abundancia de aves, insectos, plantas (Ortega et al., 2016; Shanee et al., 2017). Los vertebrados son uno de los grupos zoológicos de mayor importancia para el ser humano pues son su principal fuente de alimentos cárnicos; de entre ellos, los peces son el grupo con mayor número de especies y sustentan dos de las actividades proveedoras de alimentos más importantes como son la pesca y la acuicultura. Si bien es cierto, la mayor parte de los peces se hallan en el ecosistema marino, el ecosistema de manglar constituye el hábitat para algunos de ellos, así como la zona de reproducción y crianza de alevines y/o juveniles de un número mucho mayor de especies ícticas. En el Perú según las investigaciones más recientes, el número de peces marinos y continentales es de alrededor de 1950 especies. De éstas, 251 han sido identificadas en la región Tumbes (Hooker, 2009; Luque, 2008). En el caso del ecosistema del manglar tumbesino, Luque (2008) identificó 97 especies. La identificación realizada de estas especies se hizo en base a criterios morfológicos, los cuales están sujetos a limitaciones por la plasticidad fenotípica, el dimorfismo sexual y la variabilidad genética, a lo cual se suma que las claves de identificación utilizadas generalmente no cubren todos los estadios de vida y son difíciles de manejar por lo que a menudo requieren de un experto taxonomista (Zhang & Hanner, 2011). Estas limitaciones en la identificación, pueden ser superadas mediante la identificación molecular basada en el DNA *barcode* o código de barras de ADN, que consiste en analizar un fragmento de un gen tal como el de la subunidad I de la citocromo oxidasa (COI) y utilizarlo como patrón de identificación, esto debido a que el ADN de este gen, es relativamente invariable para la especie (sin importar su estadio de vida, dimorfismo sexual o plasticidad fenotípica).

A la fecha la identificación de la diversidad íctica de los peces del ecosistema del manglar de la Región Tumbes se ha basado únicamente en

caracteres morfológicos, no habiéndose llevado a cabo ningún estudio basado en técnicas moleculares.

En 2016, el Instituto del Mar del Perú en asociación con la Universidad Nacional de Tumbes lograron ganar el financiamiento del Fondo Nacional de Ciencia y Tecnología (FONDECYT) a fin de desarrollar el proyecto: “DNA *barcode* de las especies ícticas marinas, dulceacuícolas y del manglar de Tumbes”; la presente tesis forma parte de dicho proyecto y busca identificar las especies ícticas presentes en el ecosistema del manglar de Tumbes utilizando técnicas de DNA *barcode*, teniendo como objetivo:

- Determinar las especies ícticas presentes en el manglar de Tumbes entre 2016 y 2018 usando la técnica de DNA *barcode*

2. MARCO REFERENCIAL DEL PROBLEMA

2.1. Antecedentes

Existen múltiples estudios avocados a la determinación de la diversidad de especies ícticas del manglar, que se han realizado a nivel mundial, entre los cuales se pueden mencionar:

Ikejima, Tongnunui, Medej, & Taniuchi (2003), realizaron un estudio sobre ensamblaje de peces pequeños y juveniles residentes en un manglar de Tailandia. Para ello, recolectaron, con una pequeña red de cerco, 6616 ejemplares de 89 especies y 30 familias. Los resultados de la investigación mostraron que la familia Gobiidae fue la más diversa con 18 especies, seguida por Engraulidae (con nueve especies) y Leiognathidae (con siete especies). En términos de número de ejemplares, Engraulidae, Leiognathidae, Gerreidae, Atherinidae y Gobiidae fueron las familias dominantes. Los resultados indicaron que los hábitats del canal de marea y playas funcionan como sitios de crianza de diferentes especies de peces, siendo el primero utilizado por un número mayor de especies que el último.

Ooi & Chong (2011), realizaron una investigación en el manglar Matang (Malasia) entre 2002 y 2003, recolectando 92 934 alevines de 19 familias. Los ensamblajes de alevines fueron dominados numéricamente por las familias Gobiidae (50,1%) y Engraulidae (38,4%). Un análisis de correspondencia canónica (CCA) reveló que los ensamblajes difirieron entre el estuario y las aguas costeras adyacentes, y que los principales factores que estructuraron los ensamblajes fueron la turbidez, salinidad y zooplancton. Dado que el número de especies de juveniles y adultos en dicho estuario fue de 53 familias mientras que los alevines fueron de 17 familias, se concluyó que la población de alevines y de juveniles y adultos está bastante desconectada.

Castellanos-Galindo & Krumme (2014), realizaron una investigación sobre ensamblajes de peces en canales de marea en la península Bragança en el norte de Brasil en los años 1999 y 2012, para ello en cada uno de esos años, cerraron el paso de dos canales de marea con una red de 12 mm de tamaño de malla, esto para capturar los peces que se desplazaban por el canal. Los ejemplares capturados fueron transportados en hielo e identificados usando claves taxonómicas. Los resultados mostraron que en dicho manglar hubo 45 especies de 24 familias. Hubo una mayor cantidad de especies recolectadas en 1999 (40 especies) y una menor en 2012 (28 especies), siendo las familias más abundantes por peso de la captura: Ariidae y Tetraodontidae y por número de especies capturadas: Sciaenidae y Engraulidae.

Shervette et al. (2007), realizaron una investigación sobre la diversidad de peces en 2 ríos del ecosistema del manglar en Palmar (95 km al noreste de la ciudad de Guayaquil, Ecuador), el estudio se llevó a cabo en la temporada seca del año 2003 y la temporada lluviosa de 2004. Se recolectaron peces con una red de cerco de 7 m de largo por 2 m de altura y 3 mm de luz de malla. Los ejemplares recolectados fueron preservados en solución tamponada de formalina al 10% por 48 horas, luego fueron lavados y enjuagados en agua, y colocados en alcohol etílico o isopropílico. Se recolectaron 12 231 ejemplares de 36 especies y 16 familias. La familia Gobiidae fue la mejor representada con siete especies, seguida de la familia Gerreidae con cuatro especies y engraulidae. De las especies encontradas, 21 fueron exclusivas del manglar, destacando tres especies de robalos juveniles (familia Centropomidae), lo que indica que el manglar sirvió como guardería para estas especies de importancia comercial.

Los estudios sobre la biodiversidad de peces en el manglar tumbesino son limitados, entre los pocos trabajos realizados se tienen:

El estudio sobre diversidad hidrobiológica en Tumbes realizado por Luque (2008), en el que se evaluó la diversidad de peces en los canales de marea Puerto Rico, El Jelí, El Alcalde, Zarumilla, El Gallego, El Algarrobo, Matapalo, Camarones, Palo Santo, Corrales, La Ramada, El Tanque, El

Gallo, El Bendito, La Soledad, El Gato, Río Viejo y Canal Internacional. Las muestras hidrobiológicas fueron obtenidas con atarraya y chinchorro con malla de 1 ¼ de pulgada, así también utilizando tamices y colección manual. Se colectaron al menos cinco ejemplares de cada especie de peces, las que fueron transportadas en bolsas de polietileno transparentes, etiquetadas y rotuladas dentro de cajas isotérmicas con hielo en escamas. Las muestras fueron identificadas con claves taxonómicas y listas sistemáticas, así como consultando a las bases de datos de Fishbase (www.fishbase.org), ITIS (www.itis.usda.gov), Animal Diversity (animaldiversity.ummz.umich.edu) y FIGIS (www.fao.org/figis), entre otros. Las identificaciones fueron registradas en formatos de papel y luego procesadas en Excel. De los ejemplares identificados, al menos tres fueron conservados en formol buferado como un *voucher*.

Se identificaron 97 especies de peces correspondientes a 62 géneros, 33 familias y 16 órdenes, los mismos que se aprecian en la tabla 1

Tabla 1. Especies de peces en el manglar de Tumbes (Luque, 2008)

Orden	Familia	Género	Especie	Nombre Común
Albuliformes	Albulidae	<i>Albula</i>	<i>A. vulpes</i>	Zorro, macabí
Atheriniformes	Atherinidae	<i>Atherinella</i>	<i>A. nepenthe</i>	Pejerrey chato
			<i>A. pachylepis</i>	Pejerrey alón
			<i>A. serrivomer</i>	Pejerrey
			<i>O. regia laticlavia</i>	Pejerrey
Aulopiformes	Synodontidae	<i>Odontesthes</i>	<i>O. regia laticlavia</i>	Pejerrey
		<i>Synodus</i>	<i>S. scituliceps</i>	Iguana
Batrachoidiformes	Batrachoididae	<i>Batrachoides</i>	<i>B. pacifici</i>	Pez fraile
		<i>Daector</i>	<i>D. dowi</i>	Brujo, sapo brujo
Beloniformes	Belonidae	<i>Strongylura</i>	<i>S. exilis</i>	Agujilla
			<i>S. scapularis</i>	Pez aguja, aguja
	Hemirhamphidae	<i>Hyporhamphus</i>	<i>H. unifasciatus</i>	belona Saltador
Clupeiformes	Clupeidae	<i>Lile</i>	<i>L. stolifera</i>	Pelada, chuhueco
	Engraulidae	<i>Anchoa</i>	<i>A. ischana</i>	Anchoa
			<i>A. lucida</i>	Anchoa
			<i>A. nasus</i>	Samasa, anchoveta blanca
			<i>A. panamensis</i>	Anchoa del norte
			<i>A. starksi</i>	Anchoa
		<i>Anchovia</i>	<i>A. macrolepidota</i>	Anchoa plateada
Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia</i>	<i>P. reticulata</i>	Pipona, millonario, gupi
Mugiliformes	Mugilidae	<i>Mugil</i>	<i>M. cephalus</i>	Lisa común

Continua...

Tabla 1. Especies de peces en el manglar de Tumbes (Luque, 2008)

Orden	Familia	Género	Especie	Nombre Común	
			<i>M. curema</i>	Lisa plateada	
		<i>Xenomugil</i>	<i>X. thoburni</i>	Lisa	
Myliobatiformes	Gymnuridae	<i>Gymnura</i>	<i>G. marmorata</i>	Raya mariposa	
	Urolophidae	<i>Urolophus</i>	<i>U. tumbesensis</i>	Bruja	
		<i>Urotrygon</i>	<i>U. aspidura</i>	Raya con aguijón	
			<i>U. asterias</i>	Tapadera	
			<i>U. caudispinosus</i>	Raya tapadera	
			<i>U. chilensis</i>	Raya con espina	
			<i>U. peruanus</i>	Raya con púa	
Perciformes	Carangidae	<i>Caranx</i>	<i>C. caninus</i>	Cocinero	
		<i>Oligoplites</i>	<i>O. altus</i>	Pajarito, come trapo	
			<i>O. refulgens</i>	Chaqueta de cuero	
			<i>O. saurus</i>	Perritos, come trapo	
	Centropomidae	<i>Selene</i>	<i>S. brevoortii</i>	Jorobado	
		<i>Trachinotus</i>	<i>T. paitensis</i>	Pámpano	
		<i>Centropomus</i>	<i>C. robalito</i>	Robalito	
			<i>C. unionensis</i>	Robalo serrano	
			<i>C. viridis</i>	Robalo	
			<i>C. humeralis</i>	Mariposa	
	Chaetodontidae	<i>Chaetodon</i>	<i>C. latifrons</i>	Chalaco, monengue	
	Eleotridae	<i>Dormitator</i>	<i>D. latifrons</i>	Ñalojo, guavina	
		<i>Eleotris</i>	<i>E. picta</i>	durmiente	
	Ephippidae	<i>Guavina</i>	<i>G. micropus</i>	Camotillo	
		<i>Phylipnus</i>	<i>P. maculatus</i>	Camotillo	
		<i>Parapsettus</i>	<i>P. panamensis</i>	Camiseta	
		Gerreidae	<i>Diapterus</i>	<i>D. aureolus</i>	Periche
			<i>D. peruvianus</i>	Periche, mojarra	
				aleta amarilla	
	<i>Eucinostomus</i>		<i>E. argenteus</i>	Mojarra plateada	
	Gobiidae		<i>E. currani</i>	Mojarra	
			<i>E. entomelas</i>	Periche	
			<i>E. gracilis</i>	Periche	
		<i>Eugerres</i>	<i>E. periche</i>	Periche	
		<i>Gerres</i>	<i>G. cinereus</i>	Chavela	
		<i>Bathygobius</i>	<i>B. andrei</i>	Camotillo de río	
		<i>Ctenogobius</i>	<i>C. sagittula</i>	Hoja de maíz	
		<i>Evermannia</i>	<i>E. zosterura</i>	Gobio	
		<i>Gobiosoma</i>	<i>G. paradoxum</i>	Góbido	
		<i>Microgobius</i>	<i>M. emblematicus</i>	Góbido moteado	
		Haemulidae	<i>Anisotremus</i>	<i>A. dovii</i>	Sargo, roncador
				<i>A. pacifici</i>	Chita
			<i>Pomadasys</i>	<i>P. axillaris</i>	Callana
				<i>P. bayanus</i>	Gruñidor
		Lutjanidae		<i>P. branickii</i>	Gallinazo
				<i>P. elongatus</i>	Ronco alargado
			<i>P. leuciscus</i>	Roncador	
			<i>P. macracanthus</i>	Roncador	
			<i>P. panamensis</i>	Chaparro	
	<i>Lutjanus</i>		<i>L. argentiventris</i>	Pargo amarillo	
	Mullidae		<i>Pseudupeneus</i>	<i>P. grandisquamis</i>	San pedro rojo
	Sciaenidae		<i>Cynoscion</i>	<i>C. albus</i>	Corvina
	Serranidae	<i>Menticirrhus</i>	<i>M. elongatus</i>	Chula, misho	
<i>Diplectrum</i>		<i>D. maximum</i>	Carajito, maraño, camotillo		
		<i>D. pacificum</i>	Camotillo		
			<i>Continua...</i>		

Tabla 1. Especies de peces en el manglar de Tumbes (Luque, 2008)

Orden	Familia	Género	Especie	Nombre Común
		<i>Mycteroperca</i>	<i>M. xenarcha</i>	Mero negro
Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Achirus</i>	<i>A. klunzingeri</i>	Lenguado redondo, sol
			<i>A. mazatlanus</i>	Lenguado redondo, sol
		<i>Trinectes</i>	<i>T. fonsecensis</i>	Lenguado listado, sol rayado
	Cynoglossidae	<i>Symphurus</i>	<i>S. atricaudus</i>	Lengüeta, lengua de perro
			<i>S. sechurae</i>	Lengüeta, lengua de perro
	Paralichthyidae	<i>Citharichthys</i>	<i>C. gilberti</i>	Lenguado de boca grande
			<i>C. stigmaeus</i>	Lenguado manchado
		<i>Cyclopsetta</i>	<i>C. panamensis</i>	Lenguado boca de dios
			<i>C. querna</i>	Lenguado con caninos
			<i>E. crossotus</i>	Lenguado boca chica
		<i>Etropus</i>	<i>E. ectenes</i>	Lenguado boquichico
			<i>S. ovale</i>	Lenguado
Rajiformes	Rhinobatidae	<i>Rhinobatos</i>	<i>R. planiceps</i>	Guitarra
Scorpaeniformes	Triglidae	<i>Bellator</i>	<i>B. gymnostethus</i>	Trigla, vocador
Siluriformes	Ariidae	<i>Arius</i>	<i>A. seemanni</i>	Bagre
		<i>Bagre</i>	<i>B. panamensis</i>	Bagre marino
		<i>Cathorops</i>	<i>C. fuerthii</i>	Bagre negro
		<i>Galeichthys</i>	<i>G. peruvianus</i>	Bagre con faja
		<i>Sciadeops</i>	<i>S. troscheli</i>	Bagre, chilli
Tetraodontiformes	Diodontidae	<i>Diodon</i>	<i>D. holacanthus</i>	Pez erizo
	Tetraodontidae	<i>Sphoeroides</i>	<i>S. andersonianus</i>	Tamborín, pez globo
			<i>S. annulatus</i>	Tamborín
			<i>S. trichocephalus</i>	Tamborín enano
Torpediniformes	Narcinidae	<i>Narcine</i>	<i>N. entemedor</i>	Raya eléctrica

2.2. Bases teóricas

2.2.1. Biodiversidad

La biodiversidad es la variabilidad entre los organismos vivientes de todas las fuentes, incluyendo, entre otros, los organismos terrestres, marinos y de otros ecosistemas acuáticos, así como los complejos ecológicos de los que forman parte; esto incluye diversidad dentro de las especies, entre especies

y de ecosistemas. El término abarca diferentes escalas biológicas desde la variabilidad en el contenido genético de los individuos y las poblaciones, el conjunto de especies que integran grupos funcionales y comunidades completas, hasta el conjunto de comunidades de un paisaje o región (Moreno, 2001).

La biodiversidad es importante pues sustenta a los ecosistemas, permitiendo su funcionamiento y la prestación de los servicios brindados a la humanidad; la que depende en 100% de las especies animales y vegetales para alimentarse y hasta en 80% para obtener productos para la salud. La biodiversidad es también la base de la identidad de algunas culturas como es la peruana (PUCP, 2011).

La conservación de la biodiversidad es actualmente una preocupación de nivel internacional, pues es preocupante que el ritmo de desaparición de las especies animales y vegetales sea 1 000 a 10 000 veces mayor que su tasa natural de extinción, debido a las actividades humanas realizadas sin ningún sentido de sostenibilidad (PUCP, 2011). Esta tasa tan alta de extinción ha motivado a indicar que en la actualidad se tiene la sexta extinción masiva, esto es lamentable, pues actualmente la riqueza de especies en el planeta tierra aún es desconocida. Se estima que existen entre 5 y 100 millones de especies, de las cuales sólo 1,8 millones han sido científicamente descritas (Ceballos & Ortega-Baes, 2011). En los últimos años, el estudio de la diversidad biológica ha resurgido pues se tienen nuevas técnicas de monitoreo y evaluación molecular. Se han descubierto y descrito numerosos taxones, especialmente en regiones tropicales y en ambientes extremos, como las profundidades abisales y el fondo de los mares de la Antártida. Este renovado interés por la biodiversidad y los logros que ha alcanzado indican que se ha llegado a una nueva época de oro de la biodiversidad (Ceballos & Ortega-Baes, 2011).

La importancia renovada de la biodiversidad ha sido reconocida por importantes entidades internacionales tales como la Organización de Naciones Unidas (ONU), la que declaró al año 2010 como el Año Internacional de la Diversidad Biológica, y a la década de 2011 a 2020 como el Decenio de las Naciones Unidas sobre la Diversidad Biológica (ONU, 2011); de igual manera, el Convenio sobre la Diversidad Biológica (CDB), ha

planteado en su Plan Estratégico para la Diversidad Biológica 2011-2020 y en las Meta N° 13 de Aichi, mantener la diversidad genética de especies animales y vegetales domésticas y silvestres así como practicar estrategias para evitar la erosión genética y salvaguardar su diversidad genética (Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica, 2011).

2.2.2. Ecosistema del manglar

El ecosistema del manglar constituye una zona intermedia que liga a ecosistemas terrestres y marinos, de agua dulce y salada, se ubica en la región tropical del mundo, siendo uno de los ecosistemas más diversos y dinámicos del mundo pues como se sabe los ecosistemas tropicales alojan al 75% de las especies a nivel mundial. El manglar cubre 15,2 millones de hectáreas de las zonas costeras tropicales del mundo (De Almeida, Araújo, Rodrigues, Seabra, & Amaro, 2016; Ishtiaque, Myint, & Wang, 2016).

Los manglares realizan importantes funciones tales como proteger las costas de las olas y mareas, de la erosión marina y de las tormentas; sirve de hábitat de animales y plantas únicos; y provee refugio para muchas especies acuáticas de importancia económica. El valor del manglar basado en dichos servicios ha sido estimado en promedio en US \$193 843/ha siendo alrededor de 30 veces más valioso que una hectárea de bosque tropical lluvioso (Pendleton, Thébaud, Mongrue, & Levrel, 2016).

Este valor del manglar se explica por sus características estructurales y funcionales que los habilitan para ser lugares para la alimentación y descanso de aves migratorias; refugio de animales silvestres locales así como zonas para la reproducción, alimentación y albergue de peces e invertebrados (Arceo-Carranza, Gamboa, Teutli-Hernández, Badillo-Alemán, & Herrera-Silveira, 2016).

El manglar es uno de los hábitat de crianza de peces más importantes, se ha estimado que una hectárea de manglar tiene el potencial para generar anualmente entre 1 y 11,8 t de peces/año (Mirera, Kairo, Kimani, & Waweru, 2010), también se ha estimado que un 30% de los peces comerciales dependen del manglar (Nagelkerken et al., 2008); esta alta productividad se debe a que el manglar provee: protección contra depredadores, pues su

ambiente permite a los pequeños peces ocultarse entre la turbidez, los neumatóforos y raíces del mangle y, la alta productividad biológica de estos ecosistemas ofrece gran cantidad de alimento en forma principalmente de detritus orgánico derivado de las hojas y raíces muertas, así como epibiontes tales como tunicados, esponjas, algas y bivalvos que puede servir de alimento a los peces (Mirera et al., 2010; Nagelkerken et al., 2008).

Los peces son el mayor grupo de vertebrados representando el 50% de los mismos a nivel mundial e incluye desde especies primitivas como las de la superclase Agnatha hasta las más avanzadas como las de las superclases Chondrichthyes y Osteichthyes (Ward, Zemlak, Innes, Last, & Hebert, 2005). Según la base de datos Fishbase (www.fishbase.org), existen reportadas 33 200 especies de peces, el mayor número para cualquier grupo de vertebrados, esto hace que la identificación de especies ícticas sea un aspecto clave en la evaluación de su biodiversidad.

Los peces están amenazados por la sobreexplotación, la destrucción de hábitats, la invasión de otras especies, esto causa la disminución de sus poblaciones naturales, poniendo en riesgo de extinción a muchas especies (Mancera-Rodríguez, Márquez, & Hurtado-Alarcón, 2013).

Los márgenes someros de los manglares proporcionan un hábitat que soporta diversidad de especies de peces y otros animales. En ellos son frecuentes los ensamblajes de peces pequeños residentes como los de las familias Gobiidae y Engraulidae, y los juveniles de peces que están transitoriamente en ellos como los de los Carangidae y Mugilidae, que son típicos en los muestreos de fauna íctica de los estuarios, esto es concordante con el paradigma que los diferentes ambientes del manglar son zonas de refugio y criaderos para la fauna terrestre y acuática. Los manglares son un sitio de refugio y albergue para numerosas especies de peces que desarrollan parte de su ciclo vital en este tipo de ambientes, algunas de ellas son de importancia económica y utilizadas para el consumo humano (Barreto et al., 2009).

2.2.3. Identificación de especies de peces

Los peces al ser el mayor grupo de vertebrados, exhiben una notable diversidad de atributos morfológicos y biológicos. Las especies están típicamente circunscritas a la presencia de caracteres morfológicos fijos que permiten distinguirlas de otras especies. En los peces, hay un mayor número de solapamientos interespecíficos o invariantes intraespecíficos, tal que la identificación de peces es un desafío para los taxonomistas cuando se enfrentan a biotas ricas como el del manglar (Zhang & Hanner, 2011).

La identificación de peces se ha basado tradicionalmente en la determinación de características morfológicas y merísticas que se observan en claves de identificación; este tipo de identificación no está exento de problemas, pues las características morfológicas son referidas a peces adultos y son poco útiles para huevos, alevines o juveniles. Algunas técnicas de identificación incluyen placas dentales, por ejemplo en la identificación de pargos, los que se han clasificado en 6 subfamilias por sus características dentales (Armani et al., 2015).

La identificación de especies a nivel de huevos y alevines es difícil si se basa sólo en características morfológicas. Un conjunto de identificaciones erróneas puede introducir sesgos extremos en monitoreos de biodiversidad. Muchos peces sufren metamorfosis, y muchas de sus características morfométricas tales como pigmentación y número de miómeros, pueden cambiar durante su desarrollo ontogénico (Zhang & Hanner, 2011).

Las limitaciones inherentes a los sistemas de identificación basados en la morfología así como el reducido número de taxonomistas disponibles, impulsa a buscar una identificación basada en métodos moleculares, los cuales identifican a través de los niveles de homogenidad intraespecífica y heterogeneidad interespecífica (Zhang & Hanner, 2011).

El gen mitocondrial COI, es un atractivo “código de barras”, que es altamente eficiente en la identificación de especies. Su uso ha sido reportado en peces marinos en Australia (Ward, Zemlak, Innes, Last, & Hebert, 2005), en peces de agua dulce de Canadá (Hubert et al., 2008) y peces ornamentales en el mercado de Norte América (Steinke, Zemlak, & Hebert, 2009). La eficiencia del COI se evidencia en los datos de Fish-BoL, donde en casi 50 000

secuencias de más de 7 000 especies, el promedio de la distancia genética de Kimura es de cerca de 0,3%, y el promedio de distancia genética entre congéneres es al menos 30 veces mayor que entre los conspecíficos. El gen COI es un marcador de especies confiable y el DNA *barcode* puede utilizarse para identificación a niveles de especies, particularmente en algunos casos donde la taxonomía morfológica puede fallar al identificar especies (Zhang & Hanner, 2011).

2.2.4. Identificación molecular

Las técnicas de identificación actuales se basan en detectar el polimorfismo del ADN o de las proteínas constituyentes, las que tienen como ventaja fundamental poder ser analizadas en muestras que carezcan incluso de características morfológicas, tales como carnes sin piel (filetes); hoy en día las técnicas basadas en el análisis del ADN ya sea nuclear o mitocondrial tales como el secuenciamiento nucleótido normativo forense (FINS), el polimorfismo en la longitud de fragmento de restricción (RFLP); el polimorfismo conformacional de cadena simple (SSCP); ADN polimórfico amplificado aleatoriamente (RAPD); el polimorfismo de longitud de fragmento amplificado (AFLP); la amplificación isothermal mediada por bucles (LAMP); algunos de los cuales se encuentran disponibles comercialmente. Una de las técnicas de identificación más útiles es el secuenciamiento del gen COI considerado el gen de DNA *barcode* para animales según el Consorcio para el *barcode* de la vida (CBOL) (Tomás, Ferreira, & Faria, 2017).

2.2.5. DNA *barcode*

El DNA *barcode* o código de barras de ADN, usa secuencias cortas de ADN en posiciones específicas del genoma como herramienta diagnóstica para la identificación a nivel de especie. Las secuencias de DNA *barcode* son relativamente pequeñas en comparación al tamaño del genoma completo y pueden obtenerse razonablemente en forma rápida y barata. El DNA *barcode* está basado en el uso de una corta región estándar que permite una

identificación de especies factible en términos de costo-efectividad, y es empleada actualmente para catalogar la biota mundial, incluyendo los peces (Ardura, Linde, Moreira, & Garcia-Vazquez, 2010).

El DNA *barcode*, que fuera propuesto por Hebert, Cywinska, Ball, & deWaard (2003), busca facilitar la identificación de taxa en monitoreos de conservación biológica y biodiversidad, para lo cual se basa en la diversidad de la secuencia dentro de una corta de un gen estandarizado. Científicos de más de 30 países han participado en este inmenso plan internacional, el cual costará cerca de 1 500 millones de dólares para construir “códigos de barra” para cada especie eucariota. Los peces son el mayor grupo de vertebrados, el cual exhibe una amplia diversidad de atributos morfológicos y adaptaciones biológicas. La identificación de especies es desafiante para los taxonomistas cuando se enfrentan a nuevas biotas. Sin embargo, DNA *barcode* ha ayudado poderosamente, en algunos casos en los cuales la taxonomía morfológica es de poca ayuda en la identificación (Zhang & Hanner, 2011).

El marcador molecular más ampliamente usado en DNA *barcode* es el gen COI mitocondrial (Turak et al., 2016).

2.2.6. DNA *barcode* y delimitación de especies

La técnica de DNA *barcode*, aparte de ser utilizada para identificar especies, también es utilizada para aportar datos que conduzcan al descubrimiento de nuevas especies, de tal manera que si bien es cierto que por sí sólo el DNA *barcode* no puede declarar nuevas especies, ayuda a definir que taxa requieren mayor investigación al respecto (DeSalle, Egan, & Siddall, 2005; Puillandre, Lambert, Brouillet, & Achaz, 2012; Tizard et al., 2019).

Uno de los requisitos para delimitar especies es la existencia de un umbral entre la variación genética intraespecífica y la divergencia interespecífica de los individuos, el que constituye una brecha o *gap* (DNA *barcode gap*) (Meyer & Paulay, 2005).

Existen diversos enfoques moleculares que pueden usarse para la delimitación de nuevas especies, entre ellos está el modelo generalizado mixto de Yule coalescencia (GMYC) y los procesos de árboles de Poisson

(PTP), ambos diseñados para analizar datos de un locus único, aunque también se pueden concatenar múltiples locus para su análisis, son computacionalmente complejos y requieren proporcionar árboles previos, en el caso de GMYC debe ser un árbol ultramétrico (DeSalle et al., 2005; Luo, Ling, Ho, & Zhu, 2018).

También existen enfoques de coalescencia bayesiana multiespecie como es el método de coalescencia bayesiana implementado en el software de filogeografía y filogenética bayesianas (BPP) (Luo et al., 2018).

Uno de los métodos más usados es el descubrimiento automático del *barcode gap* (ABGD), pues es uno de los más eficientes computacionalmente, sin embargo requiere de establecer *a priori* un umbral de distancia intraespecífica basado en distancias genéticas calculadas de un locus único (Luo et al., 2018; Puillandre et al., 2012).

2.3. Definición de términos básicos:

DNA barcode: son secuencias cortas de ADN en posiciones específicas del genoma que se usan como herramienta diagnóstica para la identificación a nivel de especie. En el caso de animales, el gen más utilizado como Barcode es el gen mitocondrial de la sub unidad 1 de la citocromoxidasa (COI) (Ardura et al., 2010; Zhang & Hanner, 2011).

3. MATERIAL Y MÉTODOS

3.1. Lugar y periodo de ejecución de la investigación

La investigación se realizó durante los meses de junio de 2016 a agosto de 2018 en el Laboratorio de Sanidad Acuícola del Laboratorio Costero del Instituto del Mar del Perú, ubicado en la localidad de Nueva Esperanza en el distrito de La Cruz, provincia y región de Tumbes.

3.2. Tipo y diseño de investigación

La investigación fue de tipo básica, por cuanto sólo buscó determinar las especies ícticas que estuvieron presentes en el manglar de Tumbes en el lapso de 2016 a 2018, no teniendo tal conocimiento una aplicación práctica inmediata.

El diseño de investigación fue cuantitativo y descriptivo, por cuanto se basó en observar y luego describir lo que se ha halló en el estudio.

3.3. Población, muestra y muestreo

La población en estudio correspondió a la población de peces (juveniles o adultos) en el manglar de Tumbes. El tamaño de la población fue finito pero muy alto, pudiendo ser millones.

La muestra para este estudio fue de 362 peces recolectados en el manglar. El muestreo fue de tipo aleatorio.

3.4. Métodos, técnicas e instrumentos de recolección de datos

3.4.1. Colecta de individuos

Los 18 puntos de muestreo se hallaron distribuidos entre los manglares de Zarumilla (8 puntos), Puerto Pizarro (7 puntos) y Corrales (3 puntos), habiéndose capturado 362 ejemplares. En la tabla 2 y figura 1, se observan las estaciones de muestreo y sus coordenadas geográficas. La pesca se

realizó utilizando diferentes artes de pesca como son atarraya, redes cortineras, sedal con anzuelo y recolección con un marco de malla de tul, con lo cual se obtuvieron ejemplares de diferentes tallas incluyendo algunos muy pequeños (de unos pocos centímetros).

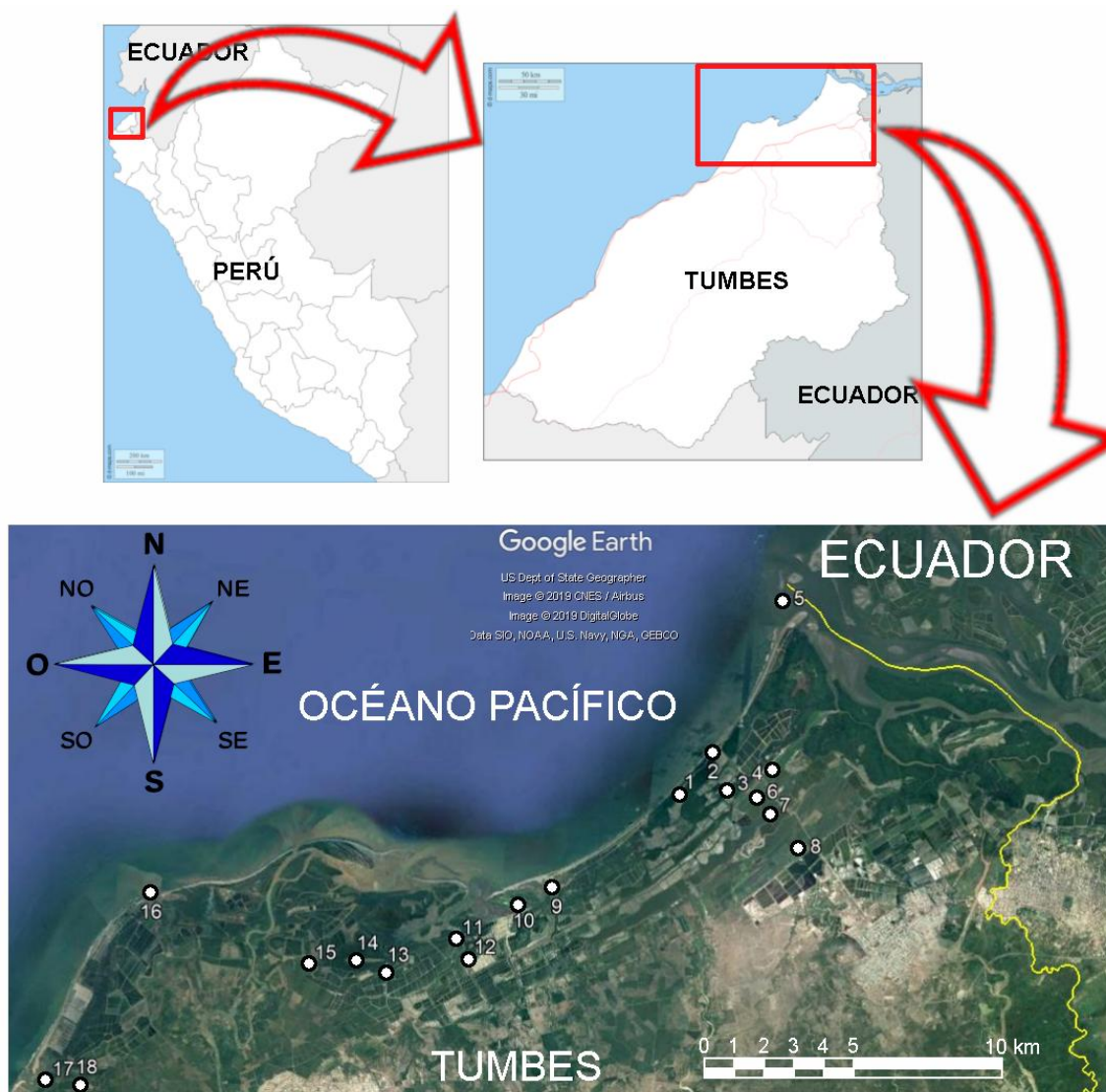


Figura 1. Ubicación de los 18 puntos de muestreo en el manglar de Tumbes.

Tabla 2. Estaciones de muestreo para la colecta de peces

Zona	Estación de muestreo	Coordenadas geográficas	
		Latitud	Longitud
Norte (Zarumilla)	El Bendito 1	03°27'15,85"S	80°20'16,76"O
	El Bendito 2	03°27'02,28"S	80°19'52,06"O
	El Bendito 3	03°27'12,19"S	80°19'18,45"O
	El Bendito 4	03°26'59,76"S	80°19'03,60"O
	Boca de Capones	03°23'45,90"S	80°18'35,20"O
	La Envidia	03°27'18,36"S	80°18'45,42"O
	La Soledad	03°27'31,86"S	80°18'30,48"O
	El Algarrobo	03°28'13,68"S	80°17'53,34"O
Centro (Puerto Pizarro)	El Jelí	03°29'43,98"S	80°22'28,98"O
	Puerto Pizarro	03°30'02,44"S	80°23'03,63"O
	El Tanque	03°30'14,52"S	80°23'57,97"O
	Puerto Rico	03°30'34,63"S	80°23'43,17"O
	La Ramada1	03°30'51,66"S	80°25'16,78"O
	La Ramada2	03°30'40,61"S	80°25'38,95"O
	El Alcalde	03°30'56,22"S	80°26'36,12"O
Zona Sur (Corrales)	Desembocadura del río		
	Tumbes	03°30'28,92"S	80°29'49,86"O
	La Chepa1	03°33'28,25"S	80°31'10,00"O
	La Chepa2	03°33'23,59"S	80°30'44,77"O

Los ejemplares capturados fueron colocados en hielo, y transportados hasta el Laboratorio Costero de Imarpe Tumbes dentro de canastillas o baldes.

3.4.2. Identificación morfológica

La identificación morfológica fue realizada por los taxónomos del proyecto: Blgo. Carlos Luque Sánchez y Dr. Ricardo Britzke. Los peces colectados fueron organizados según su similitud morfológica, y ordenados de mayor a menor talla, en bandejas plásticas sobre una mesa. La identificación se basó en criterios morfológicos y merísticos siguiendo las claves de identificación de (Norma Chirichigno, 1963), Chirichigno (1974), Chirichigno & Vélez (1998), Chirichigno & Cornejo (2001), Fischer et al. (1995); así como, las bases de datos de Fishbase (www.fishbase.org), ITIS (www.itis.usda.gov), Animal Diversity (<http://animaldiversity.ummz.umich.edu>) y FIGIS (www.fao.org/figis), entre otros. Los datos registrados durante la identificación fueron anotados en formularios impresos y posteriormente pasados a hojas de cálculo de Microsoft Excel.

De cada especie colectada fue seleccionado un ejemplar como representante *voucher* el mismo que fue tratado con formol al 10% y colocado en un frasco de vidrio con etanol al 70%. Todos los ejemplares *voucher* fueron enviados a la colección de Imarpe.

3.4.3. Obtención y almacenamiento de muestras de tejidos

Se extrajo aproximadamente 1 cm³ de tejido muscular de cada pez identificado morfológicamente, dicha muestra fue colocada en microtubos de centrífuga de 1,5 ml con etanol al 96% y almacenados en un congelador vertical a -20 °C.

3.4.4. Extracción de ADN

Se extrajo el ADN de un fragmento del tejido almacenado, utilizando kits de extracción según las indicaciones del fabricante.

3.4.5. Amplificación de ADN

La amplificación del gen COI, fue realizada en un volumen de reacción de 25 µl, conteniendo 16,1 µl de agua ultrapura, 2,5 µl de dNTP (8 mM), 2,5 µl de buffer 10X, 1,2 µl de cada *primer* (10 µM) y 0,5 µl de Taq polimerasa.

Los *primers* utilizados en la amplificación fueron una de las siguientes parejas de *primers* descritos por Ward et al. (2005), los cuales amplifican un fragmento de aproximadamente 648 pb del gen COI:

Pareja 1:

Primer forward Fish F1: 5'- TCAACCAACCACAAAGACATTGGCAC -3'

Primer reverse Fish R1: 5'- TAGACTTCT GGGTGGCCAAAGAATCA -3'

Pareja 2:

Primer forward Fish F2 5'- TCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC -3'

Primer reverse Fish R2: 5'-ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA -3'

El programa de PCR se corrió en un termociclador y consistió en una desnaturalización inicial a 94 °C por 4 min; 35 ciclos de desnaturalización a 94 °C por 1 min, hibridación por 1 min a 50 - 65 °C y extensión por 2 min a 72 °C; seguido de un paso de extensión final a 72 °C por 5 min.

3.4.6. Electroforesis

Los fragmentos del gen COI amplificados fueron visualizados en un gel de agarosa al 1% teñido con Bluegreen o GelRed.

3.4.7. Secuenciamiento

Los amplicones obtenidos fueron colocados en microtubos de 200 µl, empacados con gelpack y enviados a secuenciar por duplicado (cadenas *forward* y *reverse*) al extranjero a través de empresas peruanas dedicadas a dicho rubro.

3.4.8. Alineamiento de las secuencias

Los electroferogramas fueron ensamblados usando el programa Geneious v.5.6 (Biomatters Ltd.), las secuencias consenso resultado fueron verificadas para determinar la presencia de inserciones, deleciones o codones de parada (*stop codons*), luego fueron alineadas usando el método ClustalW del software Mega 7.

3.5. Plan de procesamiento y análisis de datos

Se calculó la composición media de nucleótidos de cada secuencia, también se calculó las distancias genéticas intra e interespecíficas, así como se construyó el árbol filogenético utilizando el modelo de sustitución de Kimura 2-parámetros (K2P) y el método de agrupamiento de Neighbor joining (NJ) utilizando para dichos análisis el programa Mega 7.

Adicionalmente dos diferentes análisis fueron corridos, el análisis de descubrimiento automático de brecha de *barcode* (ABDG) (Puillandre et al., 2012) para la delimitación de las especies mediante el descubrimiento del *barcode gap* y el modelo generalizado de Yule y coalescencia (GMYC), ejecutado a través de los programas BEAST v.1.8 y R.

Estos últimos dos análisis fueron corridos haciendo uso de la supercomputadora que la entidad denominada Ciberinfraestructura para la Investigación Filogenética (Cyberinfrastructure for Phylogenetic Research, CIPRES) (Miller et al., 2015), disponible en la dirección: <http://www.phylo.org/>

3.6. Recolección de datos

De cada uno de los ejemplares recolectados se registró: zona y estación de muestreo, identificación morfológica (orden, familia, género y especie) así también, sus secuencias de ADN del fragmento del gen COI amplificado. Estos datos se colocaron en una hoja de Excel.

4. RESULTADOS

4.1. Especies de peces identificadas morfológicamente

En la tabla 3 se observan las especies de peces que se identificaron según sus características morfológicas y merísticas, el número de especies identificadas fue 87 (exceptuando dos especies declaradas como *affinis*), correspondiente a 36 familias y 19 órdenes; siendo el orden con mayor número de especies: Perciformes con 40 y pleuronectiformes con 9, mientras que los de menor número fueron: Albuliformes, Aulopiformes, Cyprinodontiformes, Elopiformes, Gadiformes, Rajiformes, Scorpaeniformes y Torpenidiformes con una.

Tabla 3. Especies de peces identificadas morfológicamente

Orden	Familia	Género	Nombre científico	Nombre común
Albuliformes	Albulidae	<i>Albula</i>	<i>A. vulpes</i>	Zorro, macabí
Atheriniformes	Atherinidae	<i>Atherinella</i>	<i>A. pachylepis</i> <i>A. serrivomer</i>	Pejerrey alón Pejerrey
Aulopiformes	Synodontidae	<i>Synodus</i>	<i>S. scituliceps</i>	Iguana
Batrachoidiformes	Batrachoididae	<i>Batrachoides</i> <i>Daector</i>	<i>B. pacifici</i> <i>D. dowi</i>	Pez fraile, trambollo Brujo, sapo brujo
Beloniformes	Belonidae	<i>Strongylura</i>	<i>S. exilis</i> <i>S. scapularis</i>	Agujilla Agujilla
	Hemirhamphidae	<i>Hemiramphus</i> <i>Hyporhamphus</i>	<i>H. saltator</i> <i>H. unifasciatus</i>	Agujilla roja Saltador
Cichliformes	Cichlidae	<i>Oreochromis</i>	<i>O. mossambicus</i> <i>O. niloticus</i>	Tilapia Tilapia
Clupeiformes	Clupeidae	<i>Lile</i>	<i>L. stolifera</i>	Pelada, chuhueco
	Engraulidae	<i>Anchoa</i> <i>Anchovia</i>	<i>A. ischana</i> <i>A. macrolepidota</i>	Anchoa Anchoa plateada
Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia</i>	<i>P. reticulata</i>	Pipona, millonario, gupi
Elopiformes	Elopidae	<i>Elops</i>	<i>E. affinis</i>	Pichaguada
Gadiformes	Merlucciidae	<i>Merlucius</i>	<i>M. gayi peruanus</i>	Merluza
Mugiliformes	Mugilidae	<i>Mugil</i>	<i>M. cephalus</i> <i>M. curema</i> <i>M. aff. curema</i>	Lisa común Lisa plateada Lisa plateada
Continúa...				

Tabla 3. Especies de peces identificadas morfológicamente

Orden	Familia	Género	Nombre científico	Nombre común
Myliobatiformes	Gymnuridae	<i>Gymnura</i>	<i>G. marmorata</i>	Raya mariposa
	Urotrygonidae	<i>Urotrygon</i>	<i>U. asterias</i>	Tapadera
			<i>U. peruanus</i>	Raya con púa
Perciformes	Carangidae	<i>Caranx</i>	<i>C. caninus</i>	Cocinero
		<i>Oligoplites</i>	<i>O. altus</i>	Pajarito, come trapo
		<i>Selene</i>	<i>S. brevoortii</i>	Espejo, jorobado
		<i>Trachinotus</i>	<i>T. paitensis</i>	Pámpano
	Centropomidae	<i>Centropomus</i>	<i>C. armatus</i>	Robalo
			<i>C. medius</i>	Robalo
			<i>C. nigrescens</i>	Robalo
			<i>C. robalito</i>	Robalito
			<i>C. unionensis</i>	Robalo serrano
			<i>C. viridis</i>	Robalo
			<i>C. humeralis</i>	Mariposa
			<i>D. latifrons</i>	Chalaco, monengue
	Chaetodontidae	<i>Chaetodon</i>	<i>C. picta</i>	Ñalojo, guavina
	Eleotridae	<i>Dormitator</i>		durmiente
		<i>Eleotris</i>		
	Ephippidae	<i>Gobiomorus</i>	<i>G. maculatus</i>	Dormilón
		<i>Chaetodipterus</i>	<i>C. zonatus</i>	Chambo, pollera
				rayada, camiseta
		<i>Parapsettus</i>	<i>P. panamensis</i>	Camiseta
	Gerreidae	<i>Diapterus</i>	<i>D. aureolus</i>	Periche
			<i>D. peruvianus</i>	Periche, mojarra
				aleta amarilla
		<i>Eucinostomus</i>	<i>E. currani</i>	Mojarra
	Gobiidae	<i>Eugerres</i>	<i>E. periche</i>	Periche
		<i>Gerres</i>	<i>G. cinereus</i>	Chavela
		<i>Awaous</i>	<i>A. transandeanus</i>	Camotillo de río
	Haemulidae	<i>Ctenogobius</i>	<i>C. sagittula</i>	Hoja de maíz, barba de maíz
		<i>Anisotremus</i>	<i>A. interruptus</i>	Burrito, chita, Roncador
		<i>Geniatremus</i>	<i>G. dovii</i>	Burro
			<i>G. pacifici</i>	Burro
	Lutjanidae	<i>Haemulopsis</i>	<i>H. leuciscus</i>	Roncador, callana
		<i>Pomadasys</i>	<i>P. axillaris</i>	Callana
			<i>P. panamensis</i>	Chaparro, burrito
			<i>P. branickii</i>	Burrito
	Mullidae		<i>P. aff. macracanthus</i>	Burrito
		<i>Xenichthys</i>	<i>X. xanti</i>	Ojón rayado
		<i>Lutjanus</i>	<i>L. argentiventris</i>	Pargo amarillo
		<i>Pseudupeneus</i>	<i>P. grandisquamis</i>	San pedro rojo
	Serranidae	<i>Menticirrhus</i>	<i>M. paitensis</i>	Chula
		<i>Bairdiella</i>	<i>B. ensifera</i>	Corvinilla
		<i>Diplectrum</i>	<i>D. maximum</i>	Carajito, maraño, camotillo
			<i>D. pacificum</i>	Camotillo
Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Hyporthodus</i>	<i>H. niphobles</i>	Mero manchado
		<i>Mycteroperca</i>	<i>M. xenarcha</i>	Mero negro
		<i>Rypticus</i>	<i>R. nigripinnis</i>	Mero jabón negro
Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Achirus</i>	<i>A. mazatlanus</i>	Lenguado redondo, sol
			<i>A. scutum</i>	Lenguado redondo, sol
				<i>Continúa...</i>

Tabla 3. Especies de peces identificadas morfológicamente

Orden	Familia	Género	Nombre científico	Nombre común
		<i>Trinectes</i>	<i>T. fonsecensis</i>	Lenguado listado, sol rayado
	Cynoglossidae	<i>Symphurus</i>	<i>S. sechurae</i>	Lengüeta, lengua de perro
	Paralichthyidae	<i>Citharichthys</i>	<i>C. gilberti</i>	Lenguado de boca grande, goma
		<i>Cyclopsetta</i>	<i>C. querna</i>	Lenguado con caninos
		<i>Etropus</i>	<i>E. ectenes</i>	Lenguado boquichico, goma
		<i>Paralichthys</i>	<i>P. woolmani</i>	Lenguado
		<i>Syacium</i>	<i>S. ovale</i>	Lenguado
Rajiformes	Rhinobatidae	<i>Rhinobatos</i>	<i>R. planiceps</i>	Guitarra
Scorpaeniformes	Triglidae	<i>Bellator</i>	<i>B. gymnostethus</i>	Trigla, vocador
Siluriformes	Ariidae	<i>Bagre</i>	<i>B. panamensis</i>	Bagre marino
		<i>Cathorops</i>	<i>C. fuerthii</i>	Bagre negro
			<i>C. multirradiatus</i>	Bagre negro
		<i>Galeichthys</i>	<i>G. peruvianus</i>	Bagre con faja
		<i>Sciadeops</i>	<i>S. troschellii</i>	Bagre, chilli
Tetraodontiformes	Balistidae	<i>Pseudobalistes</i>	<i>P. naufragium</i>	Coche
	Diodontidae	<i>Diodon</i>	<i>D. holacanthus</i>	Pez erizo
	Tetraodontidae	<i>Sphoeroides</i>	<i>S. andersonianus</i>	Tamborín, pez globo
			<i>S. annulatus</i>	Tamborín
			<i>S. kendalli</i>	Tamborín
			<i>S. sechurae</i>	Tamborín
			<i>S. trichocephalus</i>	Tamborín enano
Torpediniformes	Narcinidae	Narcine	<i>N. entemedor</i>	Raya eléctrica

4.2. Composición nucleotídica del fragmento de gen COI secuenciado

Las 362 secuencias obtenidas del fragmento del gen COI de los ejemplares de peces recolectados, mostraron los parámetros que se muestran en la tabla 4, se observa que la longitud del fragmento fue la esperada según los *primers* utilizados, además la composición nucleotídica porcentual muestra predominancia de los nucleótidos timina y citosina ($29,3 \pm 2,4$ y $28,7 \pm 2,5$) sobre los de adenina y guanina ($23,5 \pm 1,9$ y $18,4 \pm 1,5$). Se observó ligera predominancia de las pirimidinas ($58,0 \pm 2,5$) sobre las purinas ($41,9 \pm 1,7$).

Tabla 4. Parámetros del fragmento del gen COI secuenciado

Parámetro	Media $\pm$ desviación estándar
Longitud (pb)	648,0 $\pm$ 13,0
Composición nucleótida (%)	
Timina (T)	29,3 $\pm$ 2,4
Citosina (C)	28,7 $\pm$ 2,5
Adenina (A)	23,5 $\pm$ 1,9
Guanina (G)	18,4 $\pm$ 1,5
Pirimidinas (TC)	58,0 $\pm$ 2,5
Purinas (AG)	41,9 $\pm$ 1,7

4.3. Distancias genéticas intraespecíficas

En la tabla 5 se muestran las distancias genéticas intraespecíficas de los ejemplares de peces, se aprecia que en el caso de 12 especies no se pudo calcular la misma pues éstas contaron con solo un ejemplar. Veintidos especies mostraron una distancia genética nula, mientras que las especies que mostraron mayor distancia intraespecíficas y que por lo tanto se mostraron más diversas fueron *Menticirrhus paitensis* (0,070), *Haemulopsis leuciscus* (0,071), *Anchovia macrolepidota* (0,089) y *Symphurus sechurae* (0,167).

Tabla 5. Distancia genética intraespecífica en las especies de peces

Distancia genética	Cantidad de especies	Especies
N/C	12	<i>Anchoa ischana</i> , <i>Bairdiella ensifera</i> , <i>Bellator gymnostethus</i> , <i>Cyclopsetta querna</i> , <i>Galeichthys peruvianus</i> , <i>Genyatremus dovii</i> , <i>Hyporhamphus unifasciatus</i> , <i>Oreochromis aureus</i> , <i>O. mossambicus</i> , <i>Paralichthys woolmani</i> , <i>Strongylura scapularis</i> , <i>Trinectes fluviatilis</i>
0,000	22	<i>Achirus scutum</i> , <i>Anisotremus interruptus</i> , <i>Atherinella pachylepis</i> , <i>Bathygobius andrei</i> , <i>Batrachoides pacifici</i> , <i>Centropomus robalito</i> , <i>Eleotris picta</i> , <i>Etropus ectenes</i> , <i>Genyatremus pacifici</i> , <i>Gerres cinereus</i> , <i>Gymnura marmorata</i> , <i>Mugil curema</i> , <i>Mycteroperca xenarcha</i> , <i>Narcine entemedor</i> , <i>Oreochromis niloticus</i> , <i>O. urolepis</i> , <i>Poecilia reticulata</i> , <i>Rhinobatos planiceps</i> , <i>Sphoeroides kendalli</i> , <i>Stellifer melanocheir</i> , <i>Strongylura exilis</i> , <i>Urotrygon peruanus</i>
0,001	11	<i>Hyporthodus niphobles</i> , <i>Eucinostomus currani</i> , <i>Merluccius gayi peruanus</i> , <i>Mugil cephalus</i> , <i>Atherinella serrivomer</i> , <i>Hemiramphus saltator</i> , <i>Sphoeroides andersonianus</i> , <i>Synodus scituliceps</i> , <i>Rypticus nigripinnis</i> , <i>Diodon holocanthus</i> , <i>Dormitator latifrons</i>
0,002	6	<i>Chaetodon humeralis</i> , <i>Ctenogobius sagittula</i> , <i>Pseudupeneus grandisquamis</i> , <i>Caranx caninus</i> , <i>Centropomus unionensis</i> , <i>Lile stolifera</i>
0,003	6	<i>Citharichthys gilberti</i> , <i>Syacium ovale</i> , <i>Lutjanus argentiventris</i> , <i>Daector dowi</i> , <i>Awaous banana</i> , <i>Gobiomorus maculatus</i>
0,004	4	<i>Diapterus peruvianus</i> , <i>Trachinotus paitensis</i> , <i>Sciadeops troschellii</i> , <i>Selene brevoortii</i>
0,005	3	<i>Albula vulpes</i> , <i>Xenichthys xanti</i> , <i>Bagre panamensis</i>
0,008	2	<i>Oligoplites altus</i> , <i>Sphoeroides annulatus</i>
0,011	1	<i>Sciades seemanni</i>
0,015	1	<i>Chaetodipterus zonatus</i>
0,023	1	<i>Achirus mazatlanus</i>
0,030	1	<i>Pomadasys panamensis</i>
0,047	1	<i>Diplectrum maximum</i>
0,060	2	<i>Centropomus viridis</i> , <i>Diplectrum pacificum</i>
0,070	1	<i>Menticirrhus paitensis</i>
0,071	1	<i>Haemulopsis leuciscus</i>
0,089	1	<i>Anchovia macrolepidota</i>
0,167	1	<i>Symphurus sechurae</i>

N/C: No se pudo calcular, debido a que la especie estuvo representada por un solo ejemplar.

4.4. Distancia genéticas interespecíficas

Las distancias genéticas interespecíficas se grafican en un árbol Neighbor-Joining (NJ) (figura 2). Se aprecia que existen algunas especies que muestran una distancia genética interespecífica muy baja, los que los hace aparecer como un solo agrupamiento dentro del árbol,

como por ejemplo *Atherinella pachylepis* y *A. serrivomer*, también *Sphoeroides annulatus* y *S. kendalli*, de igual manera *Oreochromis niloticus* y *O. aureus*. Por otra parte, se observa que algunas de las especies acumulan diferencia intraespecífica muy alta, con lo que podría tratarse de ejemplares de especies muy emparentadas o incluso de especies crípticas, sin embargo al tratarse el árbol NJ de un método basado sólo en distancias, es preciso recurrir a métodos más idóneos para poder confirmar dichos hallazgos.

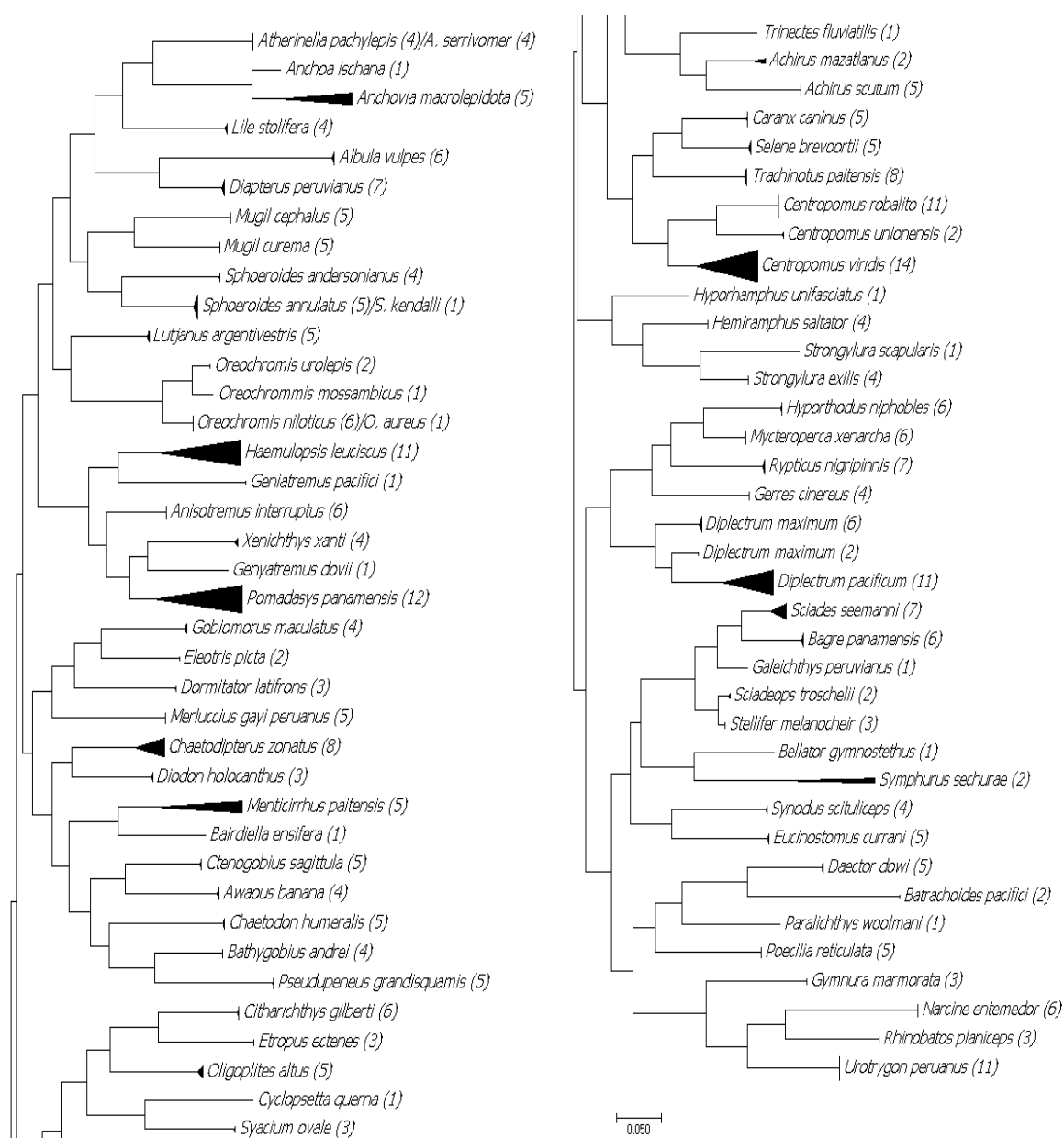


Figura 2. Árbol filogenético basado en Neighbor-Joining de las especies de peces identificadas en el manglar de Tumbes. En cada rama se indica la especie y entre paréntesis el número de ejemplares en dicha rama.

4.5. Distancias genéticas a diferentes niveles taxonómicos

En la tabla 6 se observan las distancias genéticas entre los peces a diferentes niveles taxonómicos, como se observa los rangos de distancia entre especies y géneros son iguales (0,000 a 0,167) lo cual indica un solapamiento de las distancias genéticas interespecíficas e intergenéricas. Sin embargo, como es de esperarse, las distancias genéticas promedio, se incrementan progresivamente al pasar de niveles taxonómicos más bajos a más altos, yendo de $0,011 \pm 0,003$ en el caso de las distancias entre especies a $0,077 \pm 0,019$ en el caso de las distancias entre órdenes.

Tabla 6. Distancia genética basada en un fragmento de COI de los peces según nivel taxonómico

Nivel taxonómico	Tamaño de	Rango ($X_{\min}$ – $X_{\max}$)	Media $\pm$ Error estándar
	muestra (n)*		
Entre especies	77	0,000-0,388	$0,252 \pm 0,001$
Entre géneros	64	0,020-0,388	$0,254 \pm 0,001$
Entre familias	35	0,163 - 0,388	$0,264 \pm 0,002$
Entre órdenes	18	0,212-0,383	$0,273 \pm 0,003$

*No se incluyen taxones con un solo ejemplar en las cuales no es posible calcular la distancia genética intraespecífica

4.6. Especies de peces identificadas mediante DNA *barcode*

En la tabla 7 se observan las especies de peces que fue posible identificar mediante *DNA barcode* dirigido a un fragmento del gen COI (basado en búsquedas en las bases de datos de BLAST y BOLD), en este caso el número de especies identificadas fue de 69, correspondiente a 31 familias y 16 órdenes; siendo el orden con mayor número de especies: Perciformes con 34 y los de menor número: Albuliformes, Aulopiformes, Clupeiformes, Elopiformes, Gadiformes, Scorpaeniformes, Torpediniformes con una especie.

Tabla 7. Especies de peces identificadas mediante *DNA Barcode*

Orden	Familia	Género	Nombre científico	Nombre común	
Albuliformes	Albulidae	<i>Albula</i>	<i>A. vulpes</i>	Zorro, macabí	
Aulopiformes	Synodontidae	<i>Synodus</i>	<i>S. scituliceps</i>	Iguana	
Batrachoidiformes	Batrachoididae	<i>Batrachoides</i> <i>Daector</i>	<i>B. pacifici</i> <i>D. dowi</i>	Pez fraile, trambollo Brujo, sapo brujo	
Beloniformes	Hemirhamphidae	<i>Hemiramphus</i> <i>Hyporhamphus</i>	<i>H. saltator</i> <i>H. unifasciatus</i>	Agujilla roja Saltador	
Cichliformes	Cichlidae	<i>Oreochromis</i>	<i>O. aureus</i> <i>O. mossambicus</i> <i>O. niloticus</i> <i>O. urolepis</i>	Tilapia azul Tilapia Tilapia Tilapia	
Clupeiformes	Clupeidae	<i>Lile</i>	<i>L. stolifera</i>	Pelada, chuhueco	
Elopiformes	Elopidae	<i>Elops</i>	<i>E. affinis</i>	Pichaguada	
Gadiformes	Merlucciidae	<i>Merluccius</i>	<i>M. gayi peruanus</i>	Merluza	
Mugiliformes	Mugilidae	<i>Mugil</i>	<i>M. cephalus</i> <i>M. curema</i>	Lisa común Lisa plateada	
Myliobatiformes	Gymnuridae	<i>Gymnura</i>	<i>G. marmorata</i>	Raya mariposa	
	Urotrygonidae	<i>Urotrygon</i>	<i>U. peruanus</i>	Raya con púa	
Perciformes	Carangidae	<i>Caranx</i>	<i>C. caninus</i>	Cocinero	
		<i>Oligoplites</i>	<i>O. altus</i>	Pajarito, come trapo	
		<i>Selene</i>	<i>S. brevoortii</i>	Espejo, jorobado	
		<i>Trachinotus</i>	<i>T. paitensis</i>	Pámpano	
		Centropomidae	<i>Centropomus</i>	<i>C. medius</i>	Robalo
			<i>C. robalito</i>	Robalito	
			<i>C. viridis</i>	Robalo	
	Chaetodontidae		<i>Chaetodon</i>	<i>C. humeralis</i>	Mariposa
			Eleotridae	<i>Dormitator</i>	<i>D. latifrons</i>
	<i>Eleotris</i>	<i>E. picta</i>		Ñalojo, guavina durmiente	
	Ehippidae	<i>Gobiomorus</i>	<i>G. maculatus</i>	Dormilón	
		<i>Chaetodipterus</i>	<i>C. zonatus</i>	Chambo, pollera rayada, camiseta	
			<i>Diapterus</i>	<i>D. peruvianus</i>	Periche, mojarra aleta amarilla
		Gerreidae	<i>Eucinostomus</i>	<i>E. currani</i>	Mojarra
			<i>Gerres</i>	<i>G. cinereus</i>	Chavela
	Gobiidae	<i>Awaous</i>	<i>A. banana</i>	Camotillo de río	
		<i>Ctenogobius</i>	<i>C. sagittula</i>	Hoja de maíz, barba de maíz	
	Haemulidae	<i>Bathygobius</i>	<i>B. andrei</i>	Camotillo de río	
		<i>Anisotremus</i>	<i>A. interruptus</i>	Burrito, chita, roncador	
			<i>Geniatremus</i>	<i>G. dovii</i>	Burro
			<i>Geniatremus</i>	<i>G. pacifici</i>	Burro
			<i>Haemulopsis</i>	<i>H. leuciscus</i>	Roncador, callana
			<i>Pomadasys</i>	<i>P. panamensis</i>	Chaparro, burrito
				<i>Continúa...</i>	

Tabla 7. Especies de peces identificadas mediante *DNA Barcode*

Orden	Familia	Género	Nombre científico	Nombre común
			<i>P. branickii</i>	Burrito
		<i>Xenichthys</i>	<i>X. xanti</i>	Ojón rayado
	Lutjanidae	<i>Lutjanus</i>	<i>L. argentiventris</i>	Pargo amarillo
	Mullidae	<i>Pseudupeneus</i>	<i>P. grandisquamis</i>	San pedro rojo
	Sciaenidae	<i>Menticirrhus</i>	<i>M. paitensis</i>	Chula
		<i>Stellifer</i>	<i>S. melanocheir</i>	Mojarrilla
	Serranidae	<i>Diplectrum</i>	<i>D. maximum</i>	Carajito, maraño, camotillo
			<i>D. pacificum</i>	Camotillo
		<i>Hyporthodus</i>	<i>H. niphobles</i>	Mero manchado
		<i>Mycteroperca</i>	<i>M. xenarcha</i>	Mero negro
		<i>Rypticus</i>	<i>R. nigripinnis</i>	Mero jabón negro
Pleuronectiformes	Achiridae	<i>Trinectes</i>	<i>T. fluviatilis</i>	Lenguado listado, sol rayado
	Paralichthyidae	<i>Citharichthys</i>	<i>C. gilberti</i>	Lenguado de boca grande, goma
		<i>Cyclopsetta</i>	<i>C. querna</i>	Lenguado con caninos
		<i>Etropus</i>	<i>E. ectenes</i>	Lenguado boquichico, goma
		<i>Paralichthys</i>	<i>P. woolmani</i>	Lenguado
		<i>Syacium</i>	<i>S. ovale</i>	Lenguado
Scorpaeniformes	Triglidae	<i>Bellator</i>	<i>B. gymnostethus</i>	Trigla, vocador
Siluriformes	Ariidae	<i>Bagre</i>	<i>B. panamensis</i>	Bagre marino
		<i>Sciadeops</i>	<i>S. troschellii</i>	Bagre, chilli
		<i>Sciades</i>	<i>S. seemanni</i>	Bagre
Tetraodontiformes	Balistidae	<i>Pseudobalistes</i>	<i>P. naufragium</i>	Coche
	Diodontidae	<i>Diodon</i>	<i>D. holocanthus</i>	Pez erizo
	Tetraodontidae	<i>Sphoeroides</i>	<i>S. andersonianus</i>	Tamborín, pez globo
			<i>S. annulatus</i>	Tamborín
			<i>S. kendalli</i>	Tamborín
			<i>S. sechurae</i>	Tamborín
Torpediniformes	Narcinidae	<i>Narcine</i>	<i>N. entemedor</i>	Raya eléctrica

4.7. Especies de peces identificadas mediante consenso entre características morfológicas y *DNA barcode*

En la tabla 8 se observan las especies de peces que fueron identificadas mediante un consenso entre la identificación basada en caracteres morfológicos y la identificación con *DNA barcode* (El detalle de identificación de cada ejemplar se muestra en la tabla 8 del anexo 1). El número de especies identificadas fue de 82, correspondiente a 37 familias y 18 órdenes; siendo el orden con mayor número de especies: Perciformes con 36 y los de menor número: Albuliformes, Aulopiformes,

Cyprinodontiformes, Elopiformes, Gadiformes, Rajiformes, Scorpaeniformes y Torpediniformes con una especie.

En esta lista se observa presencia de especies exóticas invasoras como pipona (*Poecilia reticulata*) y cuatro especies de tilapia (*Oreochromis mossambicus*, *O. niloticus*, *O. aureus* y *O. urolepis*).

También existen especies potenciales para la acuicultura como son: mero negro (*Mycteroperca xenarcha*), lenguado (*Paralichthys woolmani*), lisa (*Mugil cephalus*), robalos (*Centropomus* spp.), chalaco (*Dormitator latifrons*), y pargo amarillo (*Lutjanus argentiventris*), así como el bagre marino (*Bagre panamensis*).

Por otra parte se han identificado algunas especies venenosas como: trambollo (*Batrachoides pacifici*), sapo brujo (*Daector dowi*), pez erizo (*Diodon holocanthus*), tamborines (*Sphoeroides andersonianus*, *S. annulatus*, *S. kendalli* y *S. sechurae*), mero jabón negro (*Rypticus nigripinnis*) y raya venenosa (*Urotrygon peruanus*).

Tabla 8. Especies de peces identificadas mediante consenso entre caracteres morfológicos y *DNA Barcode*

Orden	Familia	Género	Nombre científico	Nombre común
Albuliformes	Albulidae	<i>Albula</i>	<i>A. vulpes</i>	Zorro, macabí
Atheriniformes	Atherinidae	<i>Atherinella</i>	<i>A. pachylepis</i> <i>A. serrivomer</i>	Pejerrey alón Pejerrey
Aulopiformes	Synodontidae	<i>Synodus</i>	<i>S. scituliceps</i>	Iguana
Batrachoidiformes	Batrachoididae	<i>Batrachoides</i> <i>Daector</i>	<i>B. pacifici</i> <i>D. dowi</i>	Pez fraile, trambollo Brujo, sapo brujo
Beloniformes	Belonidae	<i>Strongylura</i> <i>Strongylura</i>	<i>S. exilis</i> <i>S. scapularis</i>	Agujilla Agujilla
	Hemirhamphidae	<i>Hemiramphus</i> <i>Hyporhamphus</i>	<i>H. saltator</i> <i>H. unifasciatus</i>	Agujilla roja Saltador
Cichliformes	Cichlidae	<i>Oreochromis</i>	<i>O. aureus</i> <i>O. mossambicus</i> <i>O. niloticus</i> <i>O. urolepis</i>	Tilapia azul Tilapia Tilapia Tilapia
Clupeiformes	Clupeidae	<i>Lile</i>	<i>L. stolifera</i>	Pelada, chuhueco
	Engraulidae	<i>Anchoa</i> <i>Anchovia</i>	<i>A. ischana</i> <i>A. macrolepidota</i>	Anchoa Anchoa plateada
Cyprinodontiformes	Poeciliidae	<i>Poecilia</i>	<i>P. reticulata</i>	Pipona, millonario, gupi
				<i>Continúa...</i>

Tabla 8. Especies de peces identificadas mediante consenso entre caracteres morfológicos y *DNA Barcode*

Orden	Familia	Género	Nombre científico	Nombre común
			<i>A. scutum</i>	Lenguado redondo, sol
		<i>Trinectes</i>	<i>T. fluviatilis</i>	Lenguado listado, sol rayado
	Cynoglossidae	<i>Symphurus</i>	<i>S. sechurae</i>	Lengueta, lengua de perro
	Paralichthyidae	<i>Citharichthys</i>	<i>C. gilberti</i>	Lenguado de boca grande, goma
		<i>Cyclopsetta</i>	<i>C. querna</i>	Lenguado con caninos
		<i>Etropus</i>	<i>E. ectenes</i>	Lenguado boquichico, goma
		<i>Paralichthys</i>	<i>P. woolmani</i>	Lenguado
		<i>Syacium</i>	<i>S. ovale</i>	Lenguado
Rajiformes	Rhinobatidae	<i>Rhinobatos</i>	<i>R. planiceps</i>	Guitarra
Scorpaeniformes	Triglidae	<i>Bellator</i>	<i>B. gymnostethus</i>	Trigla, vocador
Siluriformes	Ariidae	<i>Bagre</i>	<i>B. panamensis</i>	Bagre marino
		<i>Galeichthys</i>	<i>G. peruvianus</i>	Bagre con faja
		<i>Sciadeops</i>	<i>S. troschellii</i>	Bagre, chilli
				<i>Continúa...</i>
		<i>Sciades</i>	<i>S. seemanni</i>	Bagre
Tetraodontiformes	Balistidae	<i>Pseudobalistes</i>	<i>P. naufragium</i>	Coche
	Diodontidae	<i>Diodon</i>	<i>D. holocanthus</i>	Pez erizo
	Tetraodontidae	<i>Sphoeroides</i>	<i>S. andersonianus</i>	Tamborín, pez globo
			<i>S. annulatus</i>	Tamborín
			<i>S. kendalli</i>	Tamborín
			<i>S. sechurae</i>	Tamborín
Torpediniformes	Narcinidae	<i>Narcine</i>	<i>N. entemedor</i>	Raya eléctrica

4.8. Número de ejemplares reportados según tipo de identificación

Del total de 362 ejemplares identificados, como se observa en la figura 3, 117 ejemplares fueron identificados correctamente por el taxónomo y las dos bases de datos consultadas (BLAST y BOLD); hubo también 65 especies que fueron identificadas exclusivamente por el taxónomo pues sus secuencias de ADN no fueron encontradas en las bases de datos consultadas o sus índices de identidad fueron inferiores a 99%.

Si bien es cierto, la identificación taxonómica fue eficaz, existieron 57 especies que solo pudieron ser identificadas correctamente usando

las bases de datos consultadas. Un número considerable de ejemplares (305) que representó el 84,3% del total, pudieron ser identificados adecuadamente por los taxónomos en base a sus características morfológicas exclusivamente y/o complementándolas con las consultas a las bases de datos; de igual manera también 294 ejemplares (que representa el 81,2%) pudieron ser identificados usando la base de datos BOLD ya sea exclusivamente o en conjunción con BLAST o con la identificación hecha por taxónomos. Por otra parte el uso de BLAST exclusivamente o en conjunción con BOLD o con la identificación hecha por taxónomos permitió la identificación de sólo 143 ejemplares (39,5%). Por último Usando DNA *barcode* y consulta a las bases de datos de BLAST y BOLD, se pudo identificar 300 ejemplares (82,9%).

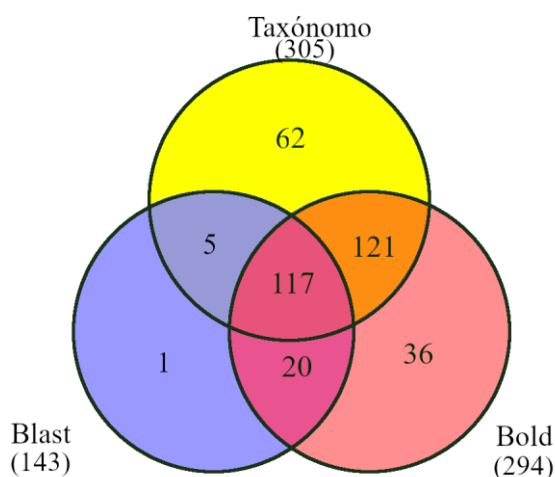


Figura 3. Número de peces que pudieron ser identificados por sus características morfológicas evaluadas por taxónomos o por las bases de datos de BLAST y/o BOLD.

4.9. Análisis de Detección Automática de Barcode Gap (ABGD)

El análisis ABGD permitió determinar un intervalo que separa a las distancias interespecíficas de las intraespecíficas (figura 4), éste se halla entre 0,02 y 0,10. De este intervalo se tomó como valor de *barcode gap*, 0,046; para dicho valor el número de especies pronosticadas fue de 91 (figura 5), la elección del *barcode gap* se

basó en la identificación preliminar de especies (basada en caracteres morfológicos y las bases de datos de BOLD y BLAST), que permitieron determinar 82 especies, sin embargo de la observación del árbol NJ (figura 2) se dedujo la posibilidad de un número mayor de especies.

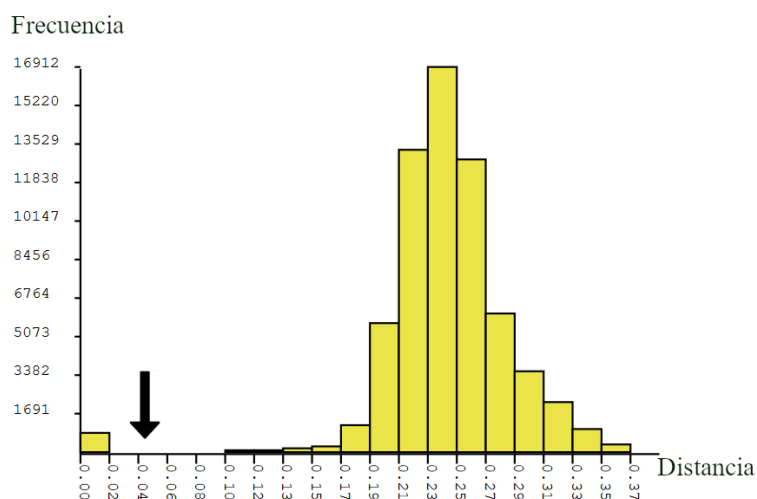


Figura 4. Histograma de distancias intraespecíficas e interespecíficas. La flecha indica la distancia que fue elegida para ser el *barcode gap* (alrededor de 0,046).

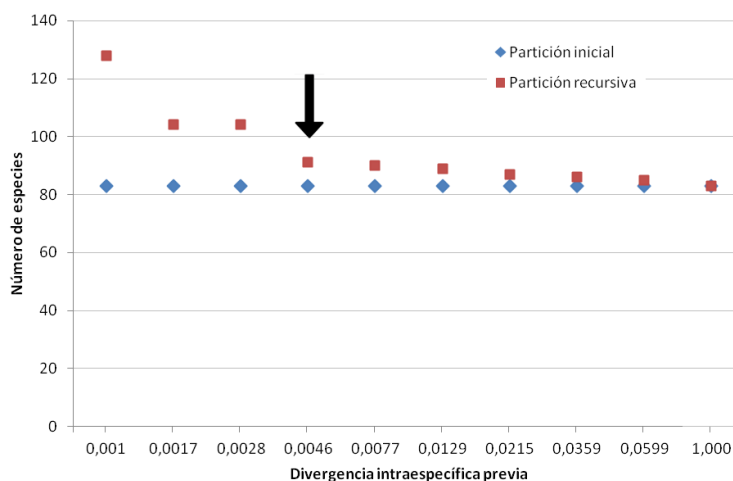


Figura 5. Pronóstico del número de especies según la divergencia intraespecífica previa, se ha optado por elegir la cuarta partición recursiva (alrededor de 0,046), misma que fue seleccionada como *barcode gap*.

El análisis de ABGD adicionalmente permitió obtener un árbol para las especies pronosticadas, mismo que se muestra en la figura 6, allí se observa

que el análisis conduce a proponer que los ejemplares de algunas especies que se han identificado como una única especie, en realidad pudieran pertenecer a dos o más especies, como son:

Los ejemplares de las especies *Rypticus nigripinnis* (grupos 13 y 85), *Diplectrum pacificum* (grupos 16 y 21), *D. maximum* (grupos 51 y 12), *Sciades seemani* (grupos 88 y 31), *Sciadeops troschelli* (grupos 86 y 30), *Symphurus sechurae* (grupos 38 y 28), *Chaetodipterus zonatus* (grupos 46 y 89), *Menticirrhus paitensis* (grupos 52 y 74) podrían pertenecer a dos especies distintas respectivamente.

A su vez los ejemplares de las especies *Centropomus viridis* (grupos 84, 6 y 5), *Haemulopsis leusciscus* (grupos 58, 38 y 36), podrían pertenecer a tres especies distintas respectivamente.

Sin embargo, también hay casos en los que individuos que fueron identificados como pertenecientes a 2 o más especies en realidad podrían pertenecer a una única especie, es el caso de *Atherinella pachylepis* y *A. serrivomer* (grupo 11), así como de *Sphoeroides sechurae*, *S. annulatus* y *S. kendalli* (grupo 46).

Un caso especial es del de los ejemplares de *Pomadasys aff. macracanthus* y *P. panamensis* (grupo 10), que según el análisis corresponderían a una sola especie, mientras que un ejemplar de *P. panamensis* (grupo 20) correspondería a una especie distinta a la del grupo 10.

Los resultados por tanto indican que es posible en principio que se presenten ejemplares que requieran de una evaluación más exhaustiva para poder determinar su especie e incluso la posibilidad de que pertenezcan a especies crípticas o nuevas.

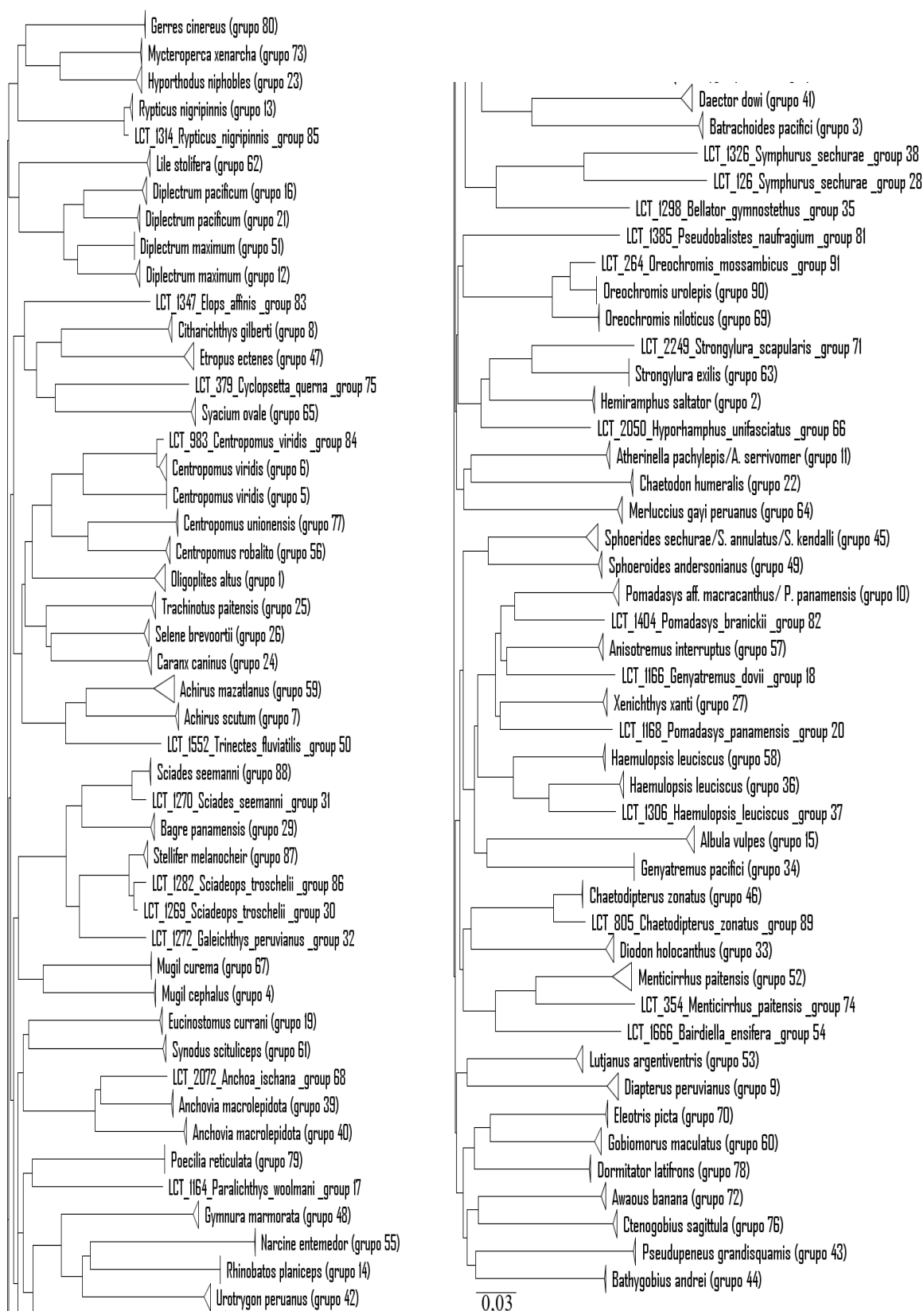


Figura 6. Árbol construido en base al *barcode gap* seleccionado en ABGD.

4.10. Análisis mediante el Modelo Generalizado Mixto de Yule y Coalescencia (GMYC)

El análisis GMYC permitió definir de manera similar a ABGD que el número de especies a los que pertenecen los peces analizados es de 91. Mucho de los casos ya determinados en el análisis de ABGD respecto a ejemplares que habiendo sido identificados como pertenecientes a una misma especie, en realidad podrían pertenecer a diferentes especies, se observan nuevamente en los resultados del GMYC (figura 7).

Los ejemplares de las especies *Centropomus viridis* (grupos 2 y 3), *Achirus mazatlanus* (grupos 70 y 71), *Symphurus sechurae* (Grupos 73 y 74), *Diplectrum maximum* (grupos 16 y 17), *D. pacificum* (grupos 18 y 19), *Sciades seemani* (grupo 78 y 23), *Chaetodipterus zonatus* (grupos 44 y 87), *Anchovia macrolepidota* (grupos 59 y 60), podrían pertenecer a dos especies distintas, respectivamente.

A su vez, los ejemplares de las especies *Haemulopsis leusciscus* (grupos 85, 38 y 39) y de *Menticirrhus paitensis* (grupos 48, 88 y 89) podrían pertenecer a tres especies distintas, respectivamente.

En este caso, así como en el análisis de ABGD, se confirma que individuos que fueron identificados como pertenecientes a dos o más especies en realidad podrían pertenecer a una única especie, como en el caso de *Atherinella pachylepis* y *A. serrivomer* (grupo 15), *Oreochromis niloticus* y *O. aureus* (grupo 40), *Sphoeroides sechurae* y *S. annulatus* (grupo 45), *S. annulatus* y *S. kendalli* (grupo 46).

Nuevamente se presenta el caso especial de los ejemplares de *Pomadasys* aff. *macracanthus* y *P. panamensis* (grupo 33), que corresponderían a una sola especie, mientras que el ejemplar de *P. panamensis* (grupo 84) correspondería a una especie distinta a la del grupo 33.

Los resultados por tanto apoyan lo encontrado por el análisis de ABGD, respecto a que algunos ejemplares necesitan una evaluación más exhaustiva para poder determinar su especie e incluso se admite la posibilidad de que éstos pertenezcan a especies crípticas o nuevas.

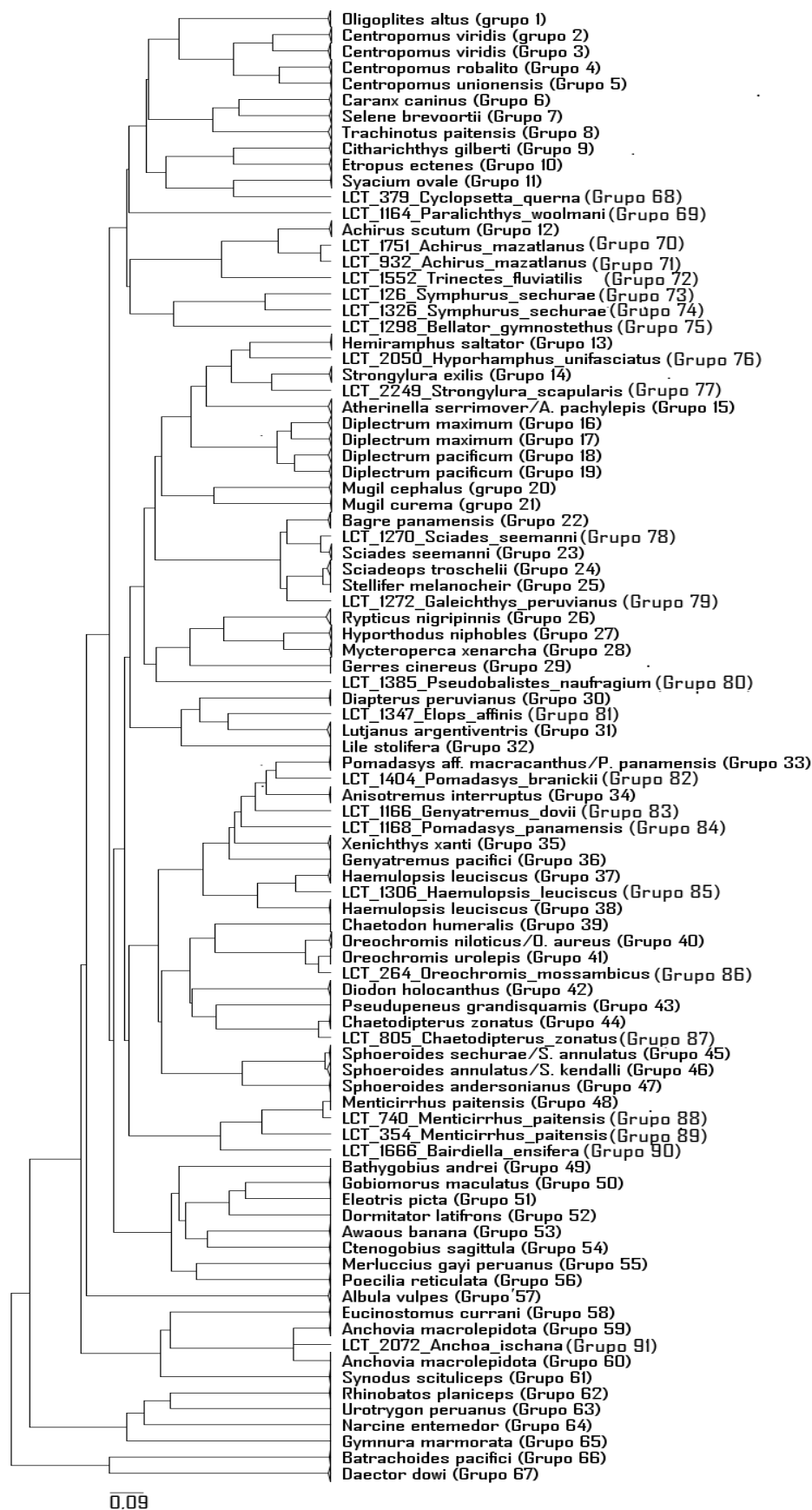


Figura 7. Árbol construido en base al análisis de GMYC.

4.11. Especies inferidas a partir de los métodos de NJ, ABGD y GMYC

En la figura 8 se ha graficado un árbol, basado en ABGD, en el que se observan las agrupaciones de ejemplares que posiblemente constituyan especies; de los tres métodos, NJ es el que menor número de agrupamientos reconoció, con 75 posibles especies, mientras que los métodos ABGD y GMYC, pronosticaron ambos 91 posibles especies, aunque se debe indicar que los agrupamientos pronosticados entre estos dos últimos métodos no coinciden plenamente.

En el caso de los ejemplares de las especies *Rypticus nigripinnis*, *Diplectrum pacificum*, *Centropomus viridis*, *Achirus mazatlanus*, *Sciades seemani*, *Sciadeops troschelii*, *Anchovia macrolepidota*, *Symphurus sechurae*, *Sphoerides sechurae*, *S. annulatus* y *S. kendalli*, *Pomadasys branickii*, *P. macracanthus*, *P. panamensis*, *Haemulopsis leuciscus*, *Chaetodipterus zonatus* y *Menticirrhus paitensis*, los tres métodos no concuerdan respecto a en cuántas especies deberían ser divididos, proponiendo generalmente entre dos a tres.

Sin embargo, si hay concordancia de los tres métodos respecto a declarar que los ejemplares de *Diplectrum maximum*, en realidad corresponderían a dos especies. Así como que los ejemplares identificados como *Oreochromis niloticus* y *O. aureus*, en realidad corresponderían a una sola especie; un caso similar ocurre con los ejemplares identificados como *Atherinella pachylepis* y *A. serrivomer*, las cuales también podrían corresponder a una especie única.

Por lo que sería necesario investigar a mayor profundidad si los indicios encontrados mediante estos métodos podrían realmente señalar la existencia de especies crípticas o nuevas.

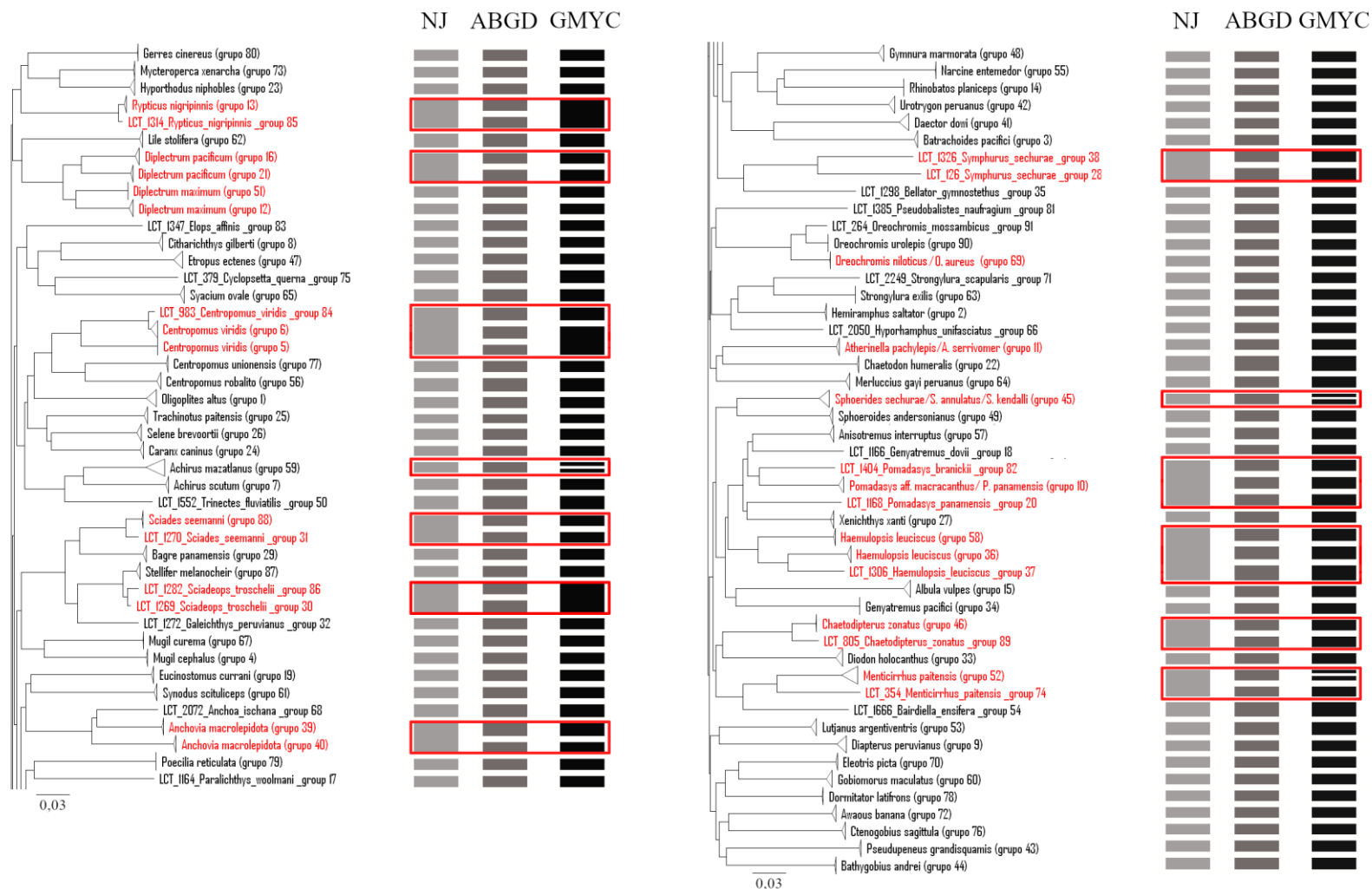


Figura 8. Árbol filogenético comparativo de los métodos NJ, ABGD y GMYC. En cada nodo se indica al final el número de grupo taxonómico de ABGD. En letra roja se indica nodos con alta variación genética intraespecífica (declarados en una sola especie pero que podrían corresponder a dos o más) o grupos de especies con baja variación interespecífica que hace que sus agrupaciones se superpongan (especies declaradas en dos o más especies pero que podrían corresponder a una sola). Las barras al lado del árbol indica el reconocimiento de cada agrupamiento según el método utilizado. Los rectángulos que rodean a alguna de estas barras resaltan las diferencias en agrupamientos obtenidos con los tres métodos.

5. DISCUSIÓN

En este estudio, se identificó mediante caracteres morfológicos 87 especies de peces en el manglar de Tumbes, correspondiendo a 36 familias y 19 órdenes; 64 de las especies identificadas (73,6%) correspondieron a especies que fueron identificadas por Luque (2008) en el manglar de Tumbes. Adicionalmente los órdenes representados por mayor número de especies fueron perciformes con 40 de 87 especies (46,0%) y pleuronectiformes con 9 de 87 especies (10,3%), estos son similares a los encontrados por Luque (2008), perciformes 41,2% y pleuronectiformes con 12,4%.

Las secuencias de COI de los peces evaluados en esta investigación tuvieron una longitud de $648,0 \pm 13,0$ pb, con composición nucleotídica: A = $23,5 \pm 1,9\%$, T = $29,3 \pm 2,4\%$, G = $18,4 \pm 1,5\%$ y C = $28,7 \pm 2,5\%$, estos parámetros son similares a los correspondientes a secuencias de COI de peces de Bangladesh que tuvieron longitud promedio de 655 pb y composición nucleotídica: A = $25,19 \pm 1,60\%$, T = $29,67 \pm 1,77\%$, G = $18,03 \pm 0,96\%$, y C = $27,11 \pm 1,96\%$ (Ahmed, Chowdhury, & Nahar, 2019), así como a las de peces del río Paraná (Argentina), con A = 24,82%, T = 29,40%, G = 18,04% y C = 27,53% (Díaz et al., 2016) e incluso con la composición obtenida de 250 especies de peces de diferentes orígenes que fue: A = 24,7%, T=29,7%, G = 18,4% y C = 27,2% (Satoh, Miya, Mabuchi, & Nishida, 2016), mostrando que la composición del fragmento del gen amplificado es congruente con la de COI.

Las distancias genéticas intraespecíficas variaron entre 0,000 y 0,167, lo cual indica que los ejemplares de algunas especies tuvieron secuencias de ADN muy similares con lo que su distancia genética fue nula (0,000); así también la existencia de especies con ejemplares cuyas secuencias fueron muy diferentes con lo que la distancia genética fue mayor (0,167). Es común encontrar valores similares a estos en estudios sobre diversidad genética en peces usando COI, así en varias investigaciones se ha encontrado distancias genéticas intraespecíficas nulas (Ahmed et al., 2019; Bingpeng et al., 2018; Díaz et al., 2016; Nascimento et al., 2016), también se han

hallado distancias genéticas intraespecíficas generalmente no muy elevadas, con valores entre 0,0183 y 0,0809 (Díaz et al., 2016; Nascimento et al., 2016; Bingpeng et al., 2018) sin embargo también hay investigaciones en que las distancias genéticas intraespecíficas fueron superiores a las reportadas en el presente estudio, como es el caso de Ahmed et al. (2019) quienes hallaron distancias hasta de 0,5714.

Respecto a las distancias genéticas entre especies, géneros, familias y órdenes, éstas variaron en mayor grado, con rangos de 0,000-0,388; 0,020-0,388; 0,163 - 0,388 y 0,212-0,383, datos que muestran estas mismas tendencias son comúnmente encontrados en estudios de biodiversidad de peces basados en COI, como los realizados por Ahmed et al. (2019), Díaz et al. (2016), Nascimento et al. (2016) y Bingpeng et al. (2018), quienes también encontraron un incremento en la distancia genética al incrementarse el rango taxonómico, lo cual es compatible con el hecho de que al incrementarse el rango taxonómico los ejemplares muestran mayor diversidad genética, con lo que se incrementa la distancia genética.

El árbol Neighbor-Joining (NJ), mostrado en esta investigación muestra que algunos ejemplares dentro de ciertas especies, muestran distancias genéticas interespecíficas muy bajas, que los hace aparecer como un solo agrupamiento dentro del árbol, esto implica que es posible que tales ejemplares pertenezcan a una sola especie y no a dos o más de ellas; por otra parte también se aprecia que otros ejemplares tienen una distancia genética muy grande respecto al resto lo que podría indicar la presencia de especies crípticas o incluso especies nuevas. Estos resultados también son respaldados por los métodos de ABGD y GMYC, que encontraron situaciones similares; al respecto. Sin embargo mientras que NJ pronosticó 75 posibles especies, subestimando el número de especies a las que se llegó en consenso (82 especies), los métodos de ABGD y GMYC pronosticaron un número superior de potenciales especies (91). Al respecto es conocido que el método NJ usado como un procedimiento analítico estándar en filogenética, sin embargo posee pobre desempeño en el pronóstico de especies, contrario al desempeño de los métodos ABGD y GMYC que han sido diseñados para tal propósito (Xu et al., 2019), sin

embargo también se precisa que estos métodos por sí solos no son suficientes para declarar nuevas especies o especies crípticas por lo que deben complementarse con estudios más detallados de morfología comparada, así como genéticos basados en un mayor número de marcadores moleculares (Fujisawa & Barraclough, 2013; Puillandre et al., 2012).

Encontrar especies nuevas o crípticas guiados mediante los métodos antes señalados es posible, tal como lo han demostrado las investigaciones de Díaz et al. (2016), quienes encontraron al evaluar la biodiversidad de peces en el río Paraná (Argentina), utilizando los métodos de BIN, ABGD y PTP, determinaron posibles especies crípticas en el grupo de especies *Hoplias* spp. y *Potamotrygon* spp., lo que los llevó a concluir que en peces neotropicales existe biodiversidad oculta por lo que esta realmente podría estar siendo subestimada, esto se debe según argumenta Xu et al. (2019) a que en los peces se ha determinado un mayor número de solapamientos interespecíficos, por lo que su identificación es una tarea desafiante para los taxónomos aún para los mejor entrenados.

Otro estudio en que los métodos de ABGD y GMYC pudieron ayudar a pronosticar especies es el realizado por Xu et al. (2019), los cuales determinaron al evaluar la biodiversidad de peces de las Isla Dongsha en China, que la divergencia entre las especies *Trichiurus japonicus* y *T. lepticus* fue tan baja que justificaba el ser incluidas en una posible única especie según ABGD, sin embargo el análisis GMYC, confirmó la separación de ambas especies, posteriores.

En esta investigación se ha señalado que entre los ejemplares de mero jabonoso negro (*Rypticus nigripinnis*), un ejemplar mostró una alta divergencia genética con el resto de ejemplares por lo que el método ABGD pronosticó que se podría tratar en realidad de dos especies, al respecto, hallazgos similares al realizado en esta investigación, han conducido al descubrimiento de una nueva especie en el género *Rypticus* por parte de Baldwin & Weigt (2012), quienes la descubrieron en Bahamas (Florida) y la designaron como *R. carpenteri*, una especie críptica la cual fue confundida e identificada erróneamente con *R. subbifrenatus* por casi 100 años, los

autores señalan que de no haber sido por estudios genéticos basados en COI que mostraron fuerte divergencia de algunos ejemplares, no se hubiese conducido una revisión de las características del grupo de especies que permitió el descubrimiento de la especie, por lo que subrayan la importancia de la evaluación de especies mediante DNA *barcode* como guía para el descubrimiento de nuevas especies. Por ello sería necesario profundizar en el estudio de estas agrupaciones que se muestran divergentes a fin de poder determinar si verdaderamente se tratan de nuevas especies o de especies crípticas.

En esta investigación se encontraron especies reportadas como invasoras como pipona (*Poecilia reticulata*) y cuatro especies de tilapia (*Oreochromis mossambicus*, *O. niloticus*, *O. aureus* y *O. urolepis*). *P. reticulata* ha sido reconocido por la ISSG (Grupo de Especialistas en Especies Invasivas) de la IUCN (Unión Internacional por la Conservación de la Naturaleza), como una especie invasora de aguas dulces y salobres (Global Invasive Species Database, 2019), al ser un pez de acuario popular usado en el control biológico de mosquitos, se ha facilitado su ingreso a otros ecosistemas al ser liberado accidental o deliberadamente (Deacon & Magurran, 2016; Palacios-Salgado, Ramirez-Valdez, & Ruiz-Campos, 2011), sin embargo tiene un fuerte impacto sobre otras especies de peces nativas a través de la competencia (consumen insectos y zooplancton necesarios para alimentar a otras especies de peces), la depredación (consumen huevos de peces) y el transporte de parásitos trematodos y nematodos que pueden afectar a otras especies de peces (Global Invasive Species Database, 2019). Los poecílidos, se han hallado en varios ecosistemas de manglar del mundo como especies exóticas o invasivas (Palacios-Salgado et al., 2011; Rauzon & Drigot, 2002) e inclusive en el vecino manglar de San Pedro de Vice (Piura, Perú) (Barrionuevo & Marcial, 2006).

Respecto a las especies de tilapia encontradas (*O. mossambicus*, *O. niloticus*, *O. aureus* y *O. urolepis*), todas ellas han sido reportadas como especies invasoras (Espinosa & Ramírez, 2015), aún más *O. mossambicus* está catalogada entre las 100 especies invasoras más dañinas del mundo (Lowe, Browne, Boudjelas, & De Poorter, 2004; Nentwig, Bacher,

Kumschick, Pyšek, & Vilà, 2018); la presencia de tilapias invasoras en ecosistemas de manglar es común habiendo sido reportada en Guinea, India, Costa Rica, México, Ecuador entre otros (Gómez et al., 2012; Haroun, Herrero Barrencua, & Abreu, 2018; Indira, Prabhu Arachi, & Varadharajan, 2013; Olaya, 2016). En Perú también ha sido reportada *O. niloticus* en el Manglar de San Pedro de Vice (Piura) (Barrionuevo & Marcial, 2006).

En esta investigación se reportan algunas especies que tienen potencial para la acuicultura ya sea como fuente de alimento o de compuestos bioactivos de interés industrial o farmacológico como son: mero negro (*Mycteroperca xenarcha*), lenguado (*Paralichthys woolmani*), lisa (*Mugil cephalus*), robalos (*Centropomus* spp.), chalaco (*Dormitator latifrons*), y pargo amarillo (*Lutjanus argentiventris*).

En el caso del mero negro (*M. xenarcha*); se reporta que otra especie del mismo género (*M. rosacea*) ya está en etapa de crianza experimental en México (Maldonado, Gracia, Kiewek, Carrillo, & Zanuy, 2018); de igual manera la especie *P. woolmani* identificada en este estudio, ya está siendo investigada para propósitos de cultivo en Ecuador (Bohórquez-Cruz, Rodríguez, Sonnenholzner, & Argüello-Guevara, 2018); *M. cephalus*, también viene siendo cultivada en otros lugares del mundo (Crosetti et al., 2018; Hoang, Nguyen, Le, Nguyen, & Bossier, 2018), *Centropomus* spp., cuyo cultivo experimental está bastante avanzado en otros lugares del mundo (Concha-Frías et al., 2018; Rivera, Ibarra, Muñoz, & Villamizar, 2017), *D. latifrons*, que se cultiva en Ecuador y México (Badillo-Zapata et al., 2018; Castro, Aguilar, & Hernández, 2005), y el pargo amarillo *L. argentiventris* cultivado experimentalmente en México (Guerrero-Tortolero, Muhlia-Melo, & Rodríguez-Romero, 1999; Maldonado et al., 2012).

Algunos peces del manglar tienen potencial para producir biocompuestos de importancia, la especie *B. panamensis*, que fue hallada en esta investigación ya está siendo investigada en Ecuador, para la producción de colágeno (López, Salguero, Vargas, & Zavala, 2018; Salguero & Vargas, 2018).

Por otra parte, se han encontrado especies de peces venenosos, los cuales sin embargo tienen potencial para producir compuestos bioactivos útiles como son: el trambollo (*B. pacifici*), sapo brujo (*D. dowi*), pez erizo (*D.*

holocanthus), tamborines (*S. andersonianus*, *S. annulatus*, *S. kendalli* y *S. sechurae*), mero jabón negro (*R. nigripinnis*) y raya venenosa (*U. peruanus*), sus venenos pueden ser estudiados mediante venómica, para mejorar la comprensión de procesos fisiológicos vitales, así como para descubrir de sustancias bioactivas de interés farmacéutico (Dutertre, 2014; Pérez, 2018; Ziegman & Alewood, 2015), existen varias investigaciones en las que se han obtenido compuestos bioactivos potencialmente útiles tales como un compuesto del veneno del pez piedra (*Pseudocynanceia melanostygma*) que destruye exclusivamente linfocitos afectados por leucemia (Aghvami, Zarei, Mirshamsi, & Pourahmad, 2017); compuestos del veneno de pez león (*Pterois volitans*) que presentan actividad citotóxica contra células cancerígenas (Pérez, 2018; Ziegman & Alewood, 2015), también algunos venenos de peces poseen propiedades antimicrobianas, y se está investigando sus metabolitos y mecanismos fisiológicos que producen dolor, vasoconstricción, modificación de la presión arterial, entre otros, aunque dichos estudios son aun escasos (Pérez, 2018; Ziegman & Alewood, 2015).

6. CONCLUSIONES

1. En el ecosistema del manglar de Tumbes, en el lapso de 2016 a 2018, se pudo identificar usando características morfológicas, 87 especies de peces, mediante DNA *barcode*, 69, consensuándose la existencia de 82 especies.
2. De 362 ejemplares de peces evaluados, el 84,3% pudieron ser identificados adecuadamente por taxónomos mediante sus características morfológicas externas, mientras que mediante DNA *barcode* y consulta a las bases de datos de BOLD y BLAST, fue posible identificar adecuadamente 82,9%, lo que hace al DNA *barcode* un sistema eficiente para la identificación de especies de peces del manglar.
3. El análisis para determinación de especies a través de las técnicas de ABGD y GMYC, indicaron la existencia de 91 especies, algunas de las cuales pueden ser crípticas e incluso nuevas especies.

7. RECOMENDACIONES

1. Continuar con las investigaciones sobre biodiversidad de peces en el ecosistema de manglar, tratando de determinar si existe biodiversidad oculta (especies crípticas o nuevas), para lo cual se puede tomar como guía las especies pronosticadas en esta investigación en base a los métodos de ABGD y GMYC.
2. Realizar investigaciones a fin de determinar la abundancia de las especies de peces en el manglar de Tumbes, lo cual complementaría la información mostrada en esta tesis, la cual no tuvo como objetivo evaluar la densidad poblacional de las especies de peces en el manglar
3. Iniciar investigaciones con el fin de aprovechar la biodiversidad de peces del manglar para desarrollar la acuicultura, así como la posible obtención de compuestos bioactivos de importancia para la industria o la farmacología, especialmente tratando de evaluar las actividades fisiológicas de los venenos de algunos peces del manglar.
4. Realizar investigaciones de especies de peces de especies de peces del manglar de Tumbes con potencial para acuicultura como son: mero negro (*M. xenarcha*), lenguado (*P. woolmani*), lisa (*M. cephalus*), robalos (*Centropomus* spp). chalaco (*D. latifrons*) y pargo amarillo (*L. argentiventris*).
5. Investigar el potencial para producción de colágeno de peces del manglar de Tumbes, en especial del bagre marino (*B. panamensis*).
6. Investigar compuestos con potencial actividad farmacológica aislados del veneno de peces del manglar como: trambollo (*B. pacifici*), sapo brujo (*D. dowi*), tamborines (*Sphoeroides* spp.), raya venenosa (*U. peruanus*) y mero jabón negro (*R. nigripinnis*).

8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aghvami, M., Zarei, M. H., Mirshamsi, M. R., & Pourahmad, J. (2017). Selective toxicity of Persian Gulf Stonefish (*Pseudosynanceia Melanostigma*) Venom on human acute lymphocytic leukemia B lymphocytes. *Trends in Peptide and Protein Sciences*, 1(2), 56-60.
- Ahmed, Md. S., Chowdhury, Md. M. K., & Nahar, L. (2019). Molecular characterization of small indigenous fish species (SIS) of Bangladesh through DNA barcodes. *Gene*, 684, 53-57. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.10.048>
- Arceo-Carranza, D., Gamboa, E., Teutli-Hernández, C., Badillo-Alemán, M., & Herrera-Silveira, J. A. (2016). Los peces como indicador de restauración de áreas de manglar en la costa norte de Yucatán. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 87(2), 489-496. <https://doi.org/10.1016/j.rmb.2016.03.001>
- Ardura, A., Linde, A. R., Moreira, J. C., & Garcia-Vazquez, E. (2010). DNA barcoding for conservation and management of Amazonian commercial fish. *Biological Conservation*, 143(6), 1438-1443. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.03.019>
- Armani, A., Tinacci, L., Xiong, X., Castigliego, L., Gianfaldoni, D., & Guidi, A. (2015). Fish species identification in canned pet food by BLAST and Forensically Informative Nucleotide Sequencing (FINS) analysis of short fragments of the mitochondrial 16s ribosomal RNA gene (16S rRNA). *Food Control*, 50, 821-830. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2014.10.018>
- Badillo-Zapata, D., Zaragoza, F. de J., Vega-Villasante, F., López-Huerta, J. M., Herrera-Resendiz, S., Cueto-Cortés, L., & Guerrero-Galvan, S. R. (2018). Requerimiento de proteína y lípidos para el crecimiento de juveniles del pez

- nativo *Dormitator latifrons* (Richardson, 1844). *Recur. Agropec.*, 5(14), 345-351.
- Baldwin, C. C., & Weigt, L. A. (2012). A New Species of Soapfish (Teleostei: Serranidae: Rhytacinus), with Redescription of *R. subbifrenatus* and Comments on the Use of DNA Barcoding in Systematic Studies. *Copeia*, 2012(1), 23-36. <https://doi.org/10.1643/CG-11-035>
- Barreto, M., Barreto, E., Bonilla, A., Castillo, M., Alejandro, L., Grande, J., ... Velázquez, J. (2009). Estudio integral del sistema lagunar Bajo Alcatraz - Mata Redonda - La Salineta de la península de Paria, Estado Sucre, Venezuela: geomorfología, hidrología, calidad del agua, vegetación y vertebrados. *Acta Biol. Venez.*, 29(1-2), 1-59.
- Barrionuevo, R., & Marcial, R. (2006). Ecología Trófica de la fauna acuática en el Manglar de San Pedro - Sechura. *Universalía*, 11(2), 44-56.
- Bingpeng, X., Heshan, L., Zhilan, Z., Chunguang, W., Yanguo, W., & Jianjun, W. (2018). DNA barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait. *PLOS ONE*, 13(6), e0198109. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0198109>
- Bohórquez-Cruz, M., Rodríguez, S., Sonnenholzner, S., & Argüello-Guevara, W. (2018). Early development and Juvenile Culture Technique of Speckled Flounder, *Paralichthys woolmani* (Jordan & Williams, 1897) under ambient seawater. *Journal of Applied Ichthyology*, 34(3), 610-616. <https://doi.org/10.1111/jai.13624>
- Castellanos-Galindo, G. A., & Krumme, U. (2014). Long-term stability of tidal and diel-related patterns in mangrove creek fish assemblages in North Brazil. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 149, 264-272. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2014.08.016>

- Castro, R., Aguilar, G., & Hernández, J. de la P. (2005). Conversión alimenticia en engordas puras y mixtas de Popoyote (*Dormitator latifrons* Richardson) en estanques de cemento. *Revista AquaTIC*, (23), 45-52.
- Ceballos, G., Ehrlich, P. R., Barnosky, A. D., Garcia, A., Pringle, R. M., & Palmer, T. M. (2015). Accelerated modern human-induced species losses: Entering the sixth mass extinction. *Science Advances*, 1(5), e1400253-e1400253. <https://doi.org/10.1126/sciadv.1400253>
- Ceballos, G., & Ortega-Baes, P. (2011). *La sexta extinción: la pérdida de especies y poblaciones en el Neotrópico*. En *Conservación Biológica: Perspectivas de Latinoamérica*. (J. Simonetti & R. Dirzo, Eds.). Recuperado de https://www.researchgate.net/publication/236609083_1_Ceballos_G_and_Ortega-Baes_P_2011_La_sexta_extincion_la_perdida_de_especies_y_poblaciones_en_el_Neotropico_Pp_95-108_en_Conservacion_Biologica_Perspectivas_de_Latinoamerica_Simonetti_J_R_Dirzo_eds_E
- Chirichigno, N. (1974). *Clave para identificar los peces marinos del Perú* (N.º 44; p. 387). Recuperado de Instituto del Mar del Perú website: <http://biblioimarpe.imarpe.gob.pe:8080/bitstream/handle/123456789/272/INF%2044.pdf?sequence=1>
- Chirichigno, N., & Cornejo, M. (2001). *Catálogo comentado de los peces marinos del Perú*. Callao, Perú: Instituto del Mar del Perú.
- Chirichigno, N., & Vélez, J. (1998). *Clave para identificar los peces marinos del Perú* (2da edición). Callao, Perú: Instituto del Mar del Perú.
- Chirichigno, N. (1963). Estudio de la fauna ictiológica de los esteros y parte baja de los ríos del Departamento de Tumbes (Perú). *Serie de divulgación científica del Ministerio de Agricultura*, (22), 87-118.

- Concha-Frías, B., Alvarez González, C. A., Gaxiola, G., Chiappa, X., Sánchez-Zamora, A., Martínez-García, R., ... De la Cruz-Alvarado, F. J. (2018). Dietary protein requirement in common snook (*Centropomus undecimalis*) juveniles reared in marine and brackish water. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 5(13), 45. <https://doi.org/10.19136/era.a5n13.1393>
- Crosetti, D., Sadek, S., Vallainc, D., IOLR, I., Israeli, M. D., Gisbert, E., & Rosa, A. (2018). *Manual técnico–Lisa capitán (Múgil cephalus)*. Recuperado de https://www.diversifyfish.eu/uploads/1/4/2/0/14206280/lisa_manual_tecnico_diversify_es.pdf
- De Almeida, L. F., Araújo, C., Rodrigues, C., Seabra, C. D., & Amaro, M. A. (2016). Multi-level biological responses in *Ucides cordatus* (Linnaeus, 1763) (Brachyura, Ucididae) as indicators of conservation status in mangrove areas from the Western Atlantic. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, (133), 176-187.
- Deacon, A. E., & Magurran, A. E. (2016). How Behaviour Contributes to the Success of an Invasive Poeciliid Fish: The Trinidadian Guppy (*Poecilia reticulata*) as a Model Species. En J. S. Weis & D. Sol (Eds.), *Biological Invasions and Animal Behaviour* (pp. 266-290). Cambridge, United Kingdom: Cambridge University Press.
- DeSalle, R., Egan, M. G., & Siddall, M. (2005). The unholy trinity: taxonomy, species delimitation and DNA barcoding. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1905-1916. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1722>
- Díaz, J., Villanova, G. V., Brancolini, F., del Pazo, F., Posner, V. M., Grimberg, A., & Arranz, S. E. (2016). First DNA Barcode Reference Library for the

- Identification of South American Freshwater Fish from the Lower Paraná River. *PLOS ONE*, 11(7), e0157419. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157419>
- Dutertre, S. (2014). Venomics in medicinal chemistry. *Future medicinal chemistry*, 6(15), 1609-1610.
- Espinosa, H., & Ramírez H., M. (2015). Exotic and invasive fishes in Mexico. *Check List*, 11(3), 1627. <https://doi.org/10.15560/11.3.1627>
- Fischer, W., Krupp, F., Schneider, W., Sommer, C., Carpenter, K. E., & Niem, V. H. (1995). *Guía FAO para la identificación de especies para los fines de pesca. Pacífico Centro-Oriental*. Roma, Italia: FAO.
- Fujisawa, T., & Barraclough, T. G. (2013). Delimiting Species Using Single-Locus Data and the Generalized Mixed Yule Coalescent Approach: A Revised Method and Evaluation on Simulated Data Sets. *Systematic Biology*, 62(5), 707-724. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syt033>
- Global Invasive Species Database. (2019). *Species profile: Poecilia reticulata*. Recuperado de <http://www.iucngisd.org/gisd/species.php?sc=683>
- Gómez, A. E., Velázquez-Velázquez, E., Rodiles-Hernández, R., González-Díaz, A. A., González-Acosta, A. F., & Castro-Aguirre, J. L. (2012). Lista sistemática de la ictiofauna de la Reserva de la Biosfera La Encrucijada, Chiapas, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 83(3). <https://doi.org/10.7550/rmb.24468>
- Guerrero-Tortolero, D. A., Muhlia-Melo, A., & Rodríguez-Romero, J. (1999). Preliminary Study on the Effect of Stocking Density on the Growth and Survival of the Yellow Snapper *Lutjanus argentiventris* Confined in Cages in

- a Tidal Pond, North. *American Journal of Aquaculture*, 61(1), 82-84.
<https://doi.org/10.1577/1548-8454>
- Haroun, R., Herrero, A., & Abreu, A. D. (2018). Mangrove Habitats in São Tomé and Príncipe (Gulf of Guinea, Africa): Conservation and Management Status. En C. Makowski & C. W. Finkl (Eds.), *Threats to Mangrove Forests* (Vol. 25, pp. 589-605). https://doi.org/10.1007/978-3-319-73016-5_27
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hoang, M. N., Nguyen, P. N., Le, D. V. B., Nguyen, D. V., & Bossier, P. (2018). Effects of stocking density of gray mullet *Mugil cephalus* on water quality, growth performance, nutrient conversion rate, and microbial community structure in the white shrimp *Litopenaeus vannamei* integrated system. *Aquaculture*, 496, 123-133. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.07.018>
- Hooker M., Y. (2009). *Nuevos registros de peces costeros tropicales para el Perú*. 33-41.
- Hubert, N., Hanner, R., Holm, E., Mandrak, N. E., Taylor, E., Burrige, M., ... Bernatchez, L. (2008). Identifying Canadian Freshwater Fishes through DNA Barcodes. *PLoS ONE*, 3(6), e2490. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002490>
- Ikejima, K., Tongnunui, P., Medej, T., & Taniuchi, T. (2003). Juvenile and small fishes in a mangrove estuary in Trang province, Thailand: seasonal and

- habitat differences. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 56(3-4), 447-457.
[https://doi.org/10.1016/S0272-7714\(02\)00194-4](https://doi.org/10.1016/S0272-7714(02)00194-4)
- Indira, R., Prabhu, J. M. A., & Varadharajan, D. (2013). Food and Feeding Habits of Tilapiine Cichlid Fish *Oreochromis mossambicus* (PETERS) from Pichavaram Mangrove, South East Coast of India. *Journal of Pharmaceutical & Biological Archives*, 4(1), 157-169.
- Ishtiaque, A., Myint, S. W., & Wang, C. (2016). Examining the ecosystem health and sustainability of the world's largest mangrove forest using multi-temporal MODIS products. *Science of The Total Environment*, 569-570, 1241-1254. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.06.200>
- López, S., Salguero, A., Vargas, A., & Zavala, A. (2018). Biochemical Characterization of Collagen Extracted from the Swim Bladder of Catfish (*Bagre panamensis*). *European Scientific Journal*, 14(30), 1. <https://doi.org/10.19044/esj.2018.v14n30p1>
- Lowe, S., Browne, M., Boudjelas, S., & De Poorter, M. (2004). *100 de las Especies Exóticas Invasoras más dañinas del mundo. Una selección del Global Invasive Species Database*. Recuperado de http://www.issg.org/pdf/publications/worst_100/spanish_100_worst.pdf
- Luo, A., Ling, C., Ho, S. Y. W., & Zhu, C.-D. (2018). Comparison of Methods for Molecular Species Delimitation Across a Range of Speciation Scenarios. *Systematic Biology*, 67(5), 830-846. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy011>
- Luque, C. (2008). *Estudio de la diversidad hidrobiológica en Tumbes* (p. 36). Recuperado de Instituto del Mar del Perú - Sede Regional de Tumbes website: http://www.imarpe.pe/imarpe/archivos/informes/imarpe_10%29_informe_biodiversidad_2007,_revjll.pdf

- Maldonado, M., Rodriguez, J., Reyes, M., Alvarez, C. A., Civera, R., & Spanopoulos, M. (2012). Effect of varying dietary protein levels on growth, feeding efficiency, and proximate composition of yellow snapper. *Latin American Journal of Aquatic Research*, 40(4), 1017-1025. <https://doi.org/10.3856/vol40-issue4-fulltext-17>
- Maldonado, M., Gracia, V., Kiewek, M., Carrillo, M., & Zanuy, S. (2018). Reproductive cycle of leopard grouper *Mycteroperca rosacea* (Streets, 1877) held in captivity: relation ship between gonad development and sex steroid concentration. *Latin American Journal of Aquatic Research*, 46(1), 83-90. <https://doi.org/10.3856/vol46-issue1-fulltext-10>
- Mancera-Rodríguez, N. J., Márquez, E. J., & Hurtado-Alarcón, J. C. (2013). Uso de citogenética y técnicas moleculares en estudios de diversidad genética en peces Colombianos. En A. López (Ed.), *Uso de Biología Molecular en Producción Animal y Conservación de Especies Silvestres* (pp. 237–312). Recuperado de https://www.researchgate.net/profile/Edna_Marquez/publication/255704564_Uso_de_Citogentica_y_Tcnicas_Moleculares_en_Estudios_de_Diversidad_Gentica_en_Peces_Colombianos/links/0deec525a98a42a9a6000000.pdf
- Meyer, C. P., & Paulay, G. (2005). DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. *PLoS Biology*, 3(12), e422. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030422>
- Miller, M. A., Schwartz, T., Pickett, B. E., He, S., Klem, E. B., Scheuermann, R. H., ... O'Leary, M. A. (2015). A RESTful API for Access to Phylogenetic Tools via the CIPRES Science Gateway. *Evolutionary Bioinformatics*, 11, EBO.S21501. <https://doi.org/10.4137/EBO.S21501>

- Mirera, D. O., Kairo, J. G., Kimani, E. N., & Waweru, F. K. (2010). A comparison between fish assemblages in mangrove forests and on intertidal flats at Ungwana Bay, Kenya. *African Journal of Aquatic Science*, 35(2), 165-171. <https://doi.org/10.2989/16085914.2010.497661>
- Moreno, C. (2001). *Métodos para medir la biodiversidad*. Recuperado de <http://www.sea-entomologia.org/PDF/M&TSEA01.pdf>
- Nagelkerken, I., Blaber, S. J. M., Bouillon, S., Green, P., Haywood, M., Kirton, L. G., ... Somerfield, P. J. (2008). The habitat function of mangroves for terrestrial and marine fauna: A review. *Aquatic Botany*, 89(2), 155-185. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2007.12.007>
- Nascimento, M. H. S., Almeida, M. S., Veira, M. N. S., Limeira Filho, D., Lima, R. C., Barros, M. C., & Fraga, E. C. (2016). DNA barcoding reveals high levels of genetic diversity in the fishes of the Itapecuru Basin in Maranhão, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 15(3). <https://doi.org/10.4238/gmr.15038476>
- Nentwig, W., Bacher, S., Kumschick, S., Pyšek, P., & Vilà, M. (2018). More than “100 worst” alien species in Europe. *Biological Invasions*, 20(6), 1611-1621. <https://doi.org/10.1007/s10530-017-1651-6>
- Olaya, P. (2016). *Estado ecológico del sistema estuarino del Río Guayas, Cantón Durán, Ecuador: Simulación numérica de su dinámica fluvial y principios ecológicos para el diseño de actuaciones de restauración y/o recuperación* (Tesis de Maestría en Restauración de Ecosistemas, Universidad de Alcalá). Recuperado de https://ebuah.uah.es/dspace/bitstream/handle/10017/26463/TFM_Olaya_Carbo_2016.pdf?sequence=1

- ONU. (2011). *Resolución 65/161*. Recuperado de <http://www.un.org/es/comun/docs/?symbol=A/RES/65/161>
- Ooi, A. L., & Chong, V. C. (2011). Larval fish assemblages in a tropical mangrove estuary and adjacent coastal waters: Offshore–inshore flux of marine and estuarine species. *Continental Shelf Research*, 31(15), 1599-1610. <https://doi.org/10.1016/j.csr.2011.06.016>
- Ortega, H., Hidalgo, M., Trevejo, G., Correa, E., Cortijo, A. M., Meza, V., & Espino, J. (2016). *Lista anotada de los peces de aguas continentales del Perú*. (2.^a ed.). Recuperado de http://museohn.unmsm.edu.pe/body/content/departamentos/ictiologia/Ortega_et_al.2012Lista_Peces_Aguas_Cont.Peru.pdf
- Palacios-Salgado, D. S., Ramirez-Valdez, A., & Ruiz-Campos, G. (2011). First record and establishment of an exotic molly (*Poecilia butleri*) in the Baja California Peninsula, Mexico. *California Fish and Game*, 97(2), 98-103.
- Pendleton, L. H., Thébaud, O., Mongruel, R. C., & Levrel, H. (2016). Has the value of global marine and coastal ecosystem services changed? *Marine Policy*, 64, 156-158. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2015.11.018>
- Pérez, Á. A. (2018). *Análisis preliminar de los componentes proteicos del veneno del pez león *Pterois volitans* de la costa de Santa Marta y evaluación de su actividad biológica* (Tesis de Magister en Ciencias Bioquímica, Universidad Nacional de Colombia). Recuperado de <http://www.bdigital.unal.edu.co/64334/1/Tesis%20Angel%20Versi%C3%B3n%20Final.pdf>
- PUCP (Pontificia Universidad Católica del Perú). (2011). *Biodiversidad*. Recuperado de <http://inte.pucp.edu.pe/docs/m3.pdf>

- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., & Achaz, G. (2012). ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation: ABGD, AUTOMATIC BARCODE GAP DISCOVERY. *Molecular Ecology*, 21(8), 1864-1877. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x>
- Rauzon, M. J., & Drigot, D. C. (2002). Red mangrove eradication and pickleweed control in a Hawaiian wetland, waterbird responses, and lessons learned. En *Turning the Tide: The Eradication of Invasive Species* (pp. 240-248). Gland, Switzerland and Cambridge, UK: IUCN SSC Invasive Species Specialist Group.
- Rivera, C. P., Ibarra, S. G., Muñoz, N. C., & Villamizar, N. V. (2017). Efecto de tres dietas en el cultivo experimental del róbalo (*Centropomus undecimalis* Bloch, 1792). *Revista MVZ Córdoba*, 22(3), 6287-6295.
- Salguero, A. P., & Vargas, A. L. (2018). *Extracción y utilización de diferentes niveles (2%, 4%, 6%) del colágeno de la vejiga natatoria del bagre (B. panamensis) en salchicha de mariscos* (Tesis de Ingenierías en Industrias Pecuarias, Escuela Superior Politécnica de Chimborazo). Recuperado de <http://dspace.esPOCH.edu.ec/bitstream/123456789/8136/1/27T0393.pdf>
- Satoh, T. P., Miya, M., Mabuchi, K., & Nishida, M. (2016). Structure and variation of the mitochondrial genome of fishes. *BMC Genomics*, 17(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-016-3054-y>
- Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica. (2011). *Plan estratégico para la diversidad biológica 2011-2020 y las metas de Aichi*. Recuperado de <http://www.cbd.int/doc/strategic-plan/2011-2020/Aichi-Targets-ES.pdf>
- Shanee, S., Shanee, N., Monteferri, B., Allgas, N., Alarcon, A., & Horwich, R. H. (2017). Protected area coverage of threatened vertebrates and ecoregions

- in Peru: Comparison of communal, private and state reserves. *Journal of Environmental Management*, 202, 12-20. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2017.07.023>
- Shervette, V. R., Aguirre, W. E., Blacio, E., Cevallos, R., Gonzalez, M., Pozo, F., & Gelwick, F. (2007). Fish communities of a disturbed mangrove wetland and an adjacent tidal river in Palmar, Ecuador. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 72(1-2), 115-128. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2006.10.010>
- Steinke, D., Zemlak, T. S., & Hebert, P. D. N. (2009). Barcoding Nemo: DNA-Based Identifications for the Ornamental Fish Trade. *PLoS ONE*, 4(7), e6300. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006300>
- Tizard, J., Patel, S., Waugh, J., Tavares, E., Bergmann, T., Gill, B., ... Millar, C. (2019). DNA barcoding a unique avifauna: an important tool for evolution, systematics and conservation. *BMC Evolutionary Biology*, 19(1). <https://doi.org/10.1186/s12862-019-1346-y>
- Tomás, C., Ferreira, I. M. P. L. V. O., & Faria, M. A. (2017). Codfish authentication by a fast Short Amplicon High Resolution Melting Analysis (SA-HRMA) method. *Food Control*, 71, 255-263. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2016.07.004>
- Turak, E., Harrison, I., Dudgeon, D., Abell, R., Bush, A., Darwall, W., ... De Wever, A. (2016). Essential Biodiversity Variables for measuring change in global freshwater biodiversity. *Biological Conservation*. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2016.09.005>
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the*

Royal Society B: Biological Sciences, 360(1462), 1847-1857.

<https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>

Xu, L., Van Damme, K., Li, H., Ji, Y., Wang, X., & Du, F. (2019). A molecular approach to the identification of marine fish of the Dongsha Islands (South China Sea). *Fisheries Research*, 213, 105-112. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2019.01.011>

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(1), 31-42. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2010.12.017>

Ziegman, R., & Alewood, P. (2015). Bioactive Components in Fish Venoms. *Toxins*, 7(5), 1497-1531. <https://doi.org/10.3390/toxins7051497>

9. ANEXOS

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD		Especie	Basada en
		Especie	Especie	Identidad	Especie	Identidad		
1	LCT_003	<i>Oligoplites altus</i>	NI	95	<i>O. altus</i>	100	<i>O. altus</i>	BOLD
2	LCT_004	<i>O. altus</i>	NI	95	<i>O. altus</i>	99,84	<i>O. altus</i>	BOLD
3	LCT_005	<i>O. altus</i>	NI	95	<i>O. altus</i>	100	<i>O. altus</i>	BOLD
4	LCT_006	<i>O. altus</i>	NI	94	<i>O. altus</i>	100	<i>O. altus</i>	Taxónomo
5	LCT_007	<i>O. altus</i>	NI	95	<i>O. altus</i>	100	<i>O. altus</i>	BOLD
6	LCT_028	<i>Hemiramphus saltator</i>	NI	98	<i>H. saltator</i>	100	<i>H. saltator</i>	Taxónomo/BOLD
7	LCT_030	<i>H. saltator</i>	NI	98	<i>H. saltator</i>	100	<i>H. saltator</i>	Taxónomo/BOLD
8	LCT_031	<i>H. saltator</i>	NI	98	<i>H. saltator</i>	100	<i>H. saltator</i>	Taxónomo/BOLD
9	LCT_032	<i>H. saltator</i>	NI	98	<i>H. saltator</i>	100	<i>H. saltator</i>	Taxónomo/BOLD
10	LCT_085	<i>Batrachoides pacifici</i>	NI	80	<i>B. pacifici</i>	100	<i>B.B. pacifici</i>	Taxónomo/BOLD
11	LCT_1040	<i>Mugil cephalus</i>	<i>M. cephalus</i>	99	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
12	LCT_1041	<i>M. cephalus</i>	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
13	LCT_1046	<i>Centropomus medius</i>	NI	88	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	BOLD
14	LCT_1047	<i>C. medius</i>	NI	88	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	BOLD
15	LCT_1048	<i>C. medius</i>	NI	88	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	BOLD
16	LCT_1049	<i>C. medius</i>	NI	88	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	BOLD
17	LCT_1050	<i>C. nigrescens</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	BOLD/dist genetica
18	LCT_1051	<i>C. nigrescens</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	BOLD/dist genetica
19	LCT_1057	<i>Achirus scutum</i>	NI	87	NI	0	<i>A. scutum</i>	Taxónomo
20	LCT_1058	<i>Citharichthys gilberti</i>	<i>C. gilberti</i>	99	<i>C. gilberti</i>	99,85	<i>C. gilberti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
21	LCT_1059	<i>C. gilberti</i>	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD		Especie	Basada en
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad		
22	LCT_106	<i>Diapterus peruvianus</i>	<i>D. brevirostris</i>	99	<i>D. peruvianus</i>	100	<i>D. peruvianus</i>	Taxónomo/BOLD
23	LCT_1062	<i>Genyatremus pacifici</i>	NI	95	<i>P. panamensis</i>	99,69	<i>P. panamensis</i>	BOLD/dist genetica
24	LCT_1066	<i>Atherinella serrivomer</i>	NI	85	NI	0	<i>A. serrivomer</i>	Taxónomo
25	LCT_107	<i>Diapterus peruvianus</i>	<i>D. brevirostris</i>	99	<i>D. peruvianus</i> / <i>D. brevirostris</i>	100/ 100	<i>D. peruvianus</i>	Taxónomo/BOLD
26	LCT_109	<i>D. peruvianus</i>	<i>D. brevirostris</i>	99	<i>D. peruvianus</i> / <i>D. brevirostris</i>	100/ 100	<i>D. peruvianus</i>	Taxónomo/BOLD
27	LCT_1125	<i>Diplectrum maximum</i>	NI	89	<i>D. conception</i> / <i>D. maximum</i>	100/ 100	<i>D. maximum</i>	Taxónomo/BOLD
28	LCT_1126	<i>D. maximum</i>	NI	89	<i>D. conception</i> / <i>D. maximum</i>	100/ 100	<i>D. maximum</i>	Taxónomo/BOLD
29	LCT_1127	<i>D. maximum</i>	NI	89	<i>D. conception</i> / <i>D. maximum</i>	100/ 100	<i>D. maximum</i>	Taxónomo/BOLD
30	LCT_1129	<i>D. maximum</i>	NI	89	<i>D. conception</i> / <i>D. maximum</i>	100/ 100	<i>D. maximum</i>	Taxónomo/BOLD
31	LCT_1130	<i>D. maximum</i>	NI	89	<i>D. conception</i> / <i>D. maximum</i>	100/ 100	<i>D. maximum</i>	Taxónomo/BOLD
32	LCT_1138	<i>Rypticus nigripinnis</i>	NI	95	<i>R. nigripinnis</i>	100	<i>R. nigripinnis</i>	Taxónomo/BOLD
33	LCT_1142	<i>Rhinobatos planiceps</i>	NI	96	<i>R. leucorhynchus</i>	100	<i>R. planiceps</i>	Taxónomo
34	LCT_1143	<i>R. planiceps</i>	NI	96	<i>R. leucorhynchus</i>	100	<i>R. planiceps</i>	Taxónomo
35	LCT_1144	<i>R. planiceps</i>	NI	96	<i>R. leucorhynchus</i>	100	<i>R. planiceps</i>	Taxónomo
36	LCT_1151	<i>Albula vulpes</i>	NI	91	<i>A. esuncula</i>	99,36	<i>A. vulpes</i>	Taxónomo
37	LCT_1152	<i>A. vulpes</i>	NI	91	<i>A. esuncula</i>	99,36	<i>A. vulpes</i>	Taxónomo
38	LCT_1154	<i>Diplectrum pacificum</i>	NI	94	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
39	LCT_1162	<i>Achirus scutum</i>	NI	87	NI	0	<i>A. scutum</i>	Taxónomo
40	LCT_1164	<i>Paralichthys woolmani</i>	NI	91	<i>P. woolmani</i>	100	<i>P. woolmani</i>	Taxónomo/BOLD

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

		Identificación morfológica	identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD			
N°	Código ejemplar	Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad	Especie	Basada en
41	LCT_1166	<i>Genyatremus dovii</i>	<i>A. dovii (sin. G. dovii)</i>	99	<i>G. dovii</i>	100	<i>G. dovii</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
42	LCT_1167	<i>Diapterus aureolus</i>	<i>Eucinostomus currani</i>	100	<i>E. currani</i>	100	<i>E. currani</i>	BLAST/BOLD/dist genética
43	LCT_1168	<i>Pomadasys panamensis</i>	<i>P. panamensis</i>	99	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
44	LCT_1169	<i>Diplectrum pacificum</i>	NI	91	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
45	LCT_1170	<i>D. pacificum</i>	NI	91	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
46	LCT_1171	<i>D. pacificum</i>	NI	91	<i>D.pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
47	LCT_1172	<i>D. pacificum</i>	NI	91	<i>D.pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
48	LCT_1173	<i>Chaetodon humeralis</i>	NI	95	<i>C. humeralis</i>	100	<i>C. humeralis</i>	Taxónomo/BOLD
49	LCT_1178	<i>Hyporthodus niphobles</i>	<i>H. niphobles</i>	99	<i>H. niphobles</i>	100	<i>H. niphobles</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
50	LCT_1187	<i>Caranx caninus</i>	<i>C. caninus</i>	99	<i>C. caninus</i>	100	<i>C. caninus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
51	LCT_1188	<i>C. caninus</i>	<i>C. caninus</i>	99	<i>C. caninus</i>	100	<i>C. caninus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
52	LCT_1189	<i>C. caninus</i>	<i>C. caninus</i>	99	<i>C. caninus</i>	100	<i>C. caninus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
53	LCT_1190	<i>C. caninus</i>	<i>C. caninus</i>	99	<i>C. caninus</i>	100	<i>C. caninus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
54	LCT_1192	<i>C. caninus</i>	<i>C. caninus</i>	99	<i>C. caninus</i>	100	<i>C. caninus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
55	LCT_1193	<i>Trachinotus paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	99	<i>T. paitensis</i>	100	<i>T. paitensis</i>	Taxónomo/BOLD
56	LCT_1204	<i>Selene brevoortii</i>	<i>S. brevoortii</i>	99	<i>S. brevoortii</i>	100	<i>S. brevoortii</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
57	LCT_1207	<i>Xenichthys xanti</i>	<i>X. xanti</i>	99	<i>X. xanti</i>	100	<i>X. xanti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
58	LCT_1221	<i>Caranx caninus</i>	<i>C. caninus</i>	99	<i>C. caninus</i>	99,98	<i>C. caninus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
59	LCT_1253	<i>Diplectrum pacificum</i>	NI	89	<i>D. pacificum/</i> <i>D. conceptione/</i> <i>D. maximum</i>	100/ 99,85/ 99,85	<i>D. maximum</i>	BOLD/dist genetica
60	LCT_126	<i>Symphurus sechurae</i>	<i>S. fasciolaris</i>	99	<i>S. fasciolaris</i>	99,37	<i>S. sechurae</i>	Taxónomo
61	LCT_1268	<i>Bagre panamensis</i>	<i>B. panamensis</i>	99	<i>B. panamensis</i>	99,68	<i>B. panamensis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
Continúa...								

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD		Especie	Basada en	
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad			
62	LCT_1269	<i>Sciadeops troschelii</i>	NI	92	<i>Stellifer melanocheir</i>	98,15	<i>S. troschelii</i>	Taxónomo	
63	LCT_1270	<i>S. troschelii</i>	NI	97	<i>Sciades seemanni</i>	97,4	<i>S. seemanni</i>	BLAST/BOLD/dist genétic	
64	LCT_1272	<i>Galeichthys peruvianus</i>	NI	91	<i>C. spixii</i>	91,6	<i>G. peruvianus</i>	Taxónomo	
65	LCT_1278	<i>Diodon holocanthus</i>	<i>D. holocanthus</i>	100	<i>D. holocanthus</i>	100	<i>D. holocanthus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD	
66	LCT_1282	<i>Sciadeops troschelii</i>	NI	92	<i>S. melanocheir</i>	97,86	<i>S. troschelii</i>	Taxónomo	
67	LCT_1294	<i>Genyatremus pacifici</i>	<i>A. pacifici</i> (Sin <i>G. pacifici</i>)	100	<i>G. pacifici</i>	99	<i>G. pacifici</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD	
68	LCT_1298	<i>Bellator gymnostethus</i>	<i>Prionotus ruscarius</i> / <i>B. gymnostethus</i>	99/ 99	<i>P. ruscarius</i> / <i>B. gymnostethus</i>	100/ 99,84	<i>B. gymnostethus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD	
69	LCT_1299	<i>Haemulopsis leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/dist genética	
70	LCT_1300	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	99	<i>H. leuciscus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/BOLD	
71	LCT_1301	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	99	<i>H. leuciscus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/BOLD	
72	LCT_1302	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	99	<i>H. leuciscus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/BOLD	
73	LCT_1303	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/dist genética	
74	LCT_1304	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/dist genética	
75	LCT_1305	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/dist genética	
76	LCT_1306	<i>H. leuciscus</i>	NI	88	<i>H. leuciscus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/BOLD	
77	LCT_1307	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. elongatus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/BOLD	
78	LCT_1309	<i>Hyporthodus niphobles</i>	<i>H. niphobles</i>	100	<i>H. niphobles</i>	100	<i>H. niphobles</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD	
79	LCT_1311	<i>Chaetodon humeralis</i>	NI	95	<i>C. humeralis</i>	100	<i>C. humeralis</i>	Taxónomo/BOLD	
80	LCT_1312	<i>C. humeralis</i>	NI	95	<i>C. humeralis</i>	100	<i>C. humeralis</i>	Taxónomo/BOLD	
81	LCT_1313	<i>C. humeralis</i>	NI	95	<i>C. humeralis</i>	100	<i>C. humeralis</i>	Taxónomo/BOLD	
82	LCT_1314	<i>Rypticus nigripinnis</i>	NI	94	<i>R. nigripinnis</i>	100	<i>R. nigripinnis</i>	Taxónomo/BOLD	
83	LCT_1315	<i>Hyporthodus niphobles</i>	<i>H. niphobles</i>	100	<i>H. niphobles</i>	100	<i>H. niphobles</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD	
Continúa...									

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos		BLAST		BOLD		Especie	Basada en
		Especie		Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad		
84	LCT_1323	<i>S. troschelii</i>		<i>Sciades seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i>	BLAST/BOLD/dist genética
85	LCT_1326	<i>Symphurus sechurae</i>	NI		84	NI	99,84	<i>S. sechurae</i>	Taxónomo
86	LCT_1333	<i>Centropomus medius</i>	NI		90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	BOLD
87	LCT_1336	<i>Selene brevoortii</i>	<i>S. brevoortii</i>		99	<i>S. brevoortii</i>	99,85	<i>S. brevoortii</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
88	LCT_1337	<i>S. brevoortii</i>	<i>S. brevoortii</i>		99	<i>S. brevoortii</i>	100	<i>S. brevoortii</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
89	LCT_1338	<i>Pomadasys axillaris</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/dist genetica
90	LCT_1339	<i>P. axillaris</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/dist genetica
91	LCT_1340	<i>P. axillaris</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/dist genetica
92	LCT_1352	<i>Eugerres periche</i>	<i>Diapterus brevirostris</i>		99	<i>D. peruvianus</i> / <i>D. brevirostris</i>	100/ 100	<i>D. peruvianus</i>	BOLD/dist genetica
93	LCT_1353	<i>E. periche</i>	<i>D.brevirostris</i>		99	<i>D. peruvianus</i> / <i>D. brevirostris</i>	99,69/ 99,69	<i>D. peruvianus</i>	BOLD/dist genetica
94	LCT_1354	<i>E. periche</i>	<i>D.brevirostris</i>		99	<i>D. peruvianus</i> / <i>D. brevirostris</i>	100/ 100	<i>D. peruvianus</i>	BOLD/dist genetica
95	LCT_1355	<i>Anchovia macrolepidota</i>	NI		92	NI	0	<i>A. macrolepidota</i>	Taxónomo
96	LCT_1356	<i>A. macrolepidota</i>	NI		92	NI	0	<i>A. macrolepidota</i>	Taxónomo
97	LCT_1357	<i>A. macrolepidota</i>	NI		91	NI	0	<i>A. macrolepidota</i>	Taxónomo
98	LCT_1358	<i>A. macrolepidota</i>	NI		91	NI	0	<i>A. macrolepidota</i>	Taxónomo
99	LCT_1359	<i>L. stolifera</i>	NI		91	NI	92,6	<i>A. macrolepidota</i>	Dist genetica
100	LCT_1367	<i>Eucinostimus currani</i>	<i>E. currani</i>		100	<i>E. currani</i>	100	<i>E. currani</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
101	LCT_1368	<i>E. currani</i>	<i>E. currani</i>		100	<i>E. currani</i>	100	<i>E. currani</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
102	LCT_1369	<i>E. currani</i>	<i>E. currani</i>		100	<i>E. currani</i>	100	<i>E. currani</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
103	LCT_1375	<i>Daector dowi</i>	NI		91	<i>D. dowi</i>	99,38	<i>D. dowi</i>	Taxónomo/BOLD
104	LCT_1376	<i>D. dowi</i>	NI		90	<i>D. dowi</i>	99,21	<i>D. dowi</i>	Taxónomo/BOLD
Continúa...									

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD		Especie	Basada en
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad		
105	LCT_1377	<i>D. dowi</i>	NI	91	<i>D. dowi</i>	99,23	<i>D. dowi</i>	Taxónomo/BOLD
106	LCT_1378	<i>D. dowi</i>	NI	91	<i>D. dowi</i>	98,76	<i>D. dowi</i>	Taxónomo/BOLD
107	LCT_1381	<i>Urotrygon asterias</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus/ U. chilensis/ U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/dist genetica
108	LCT_1382	<i>U. asterias</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus/ U. chilensis/ U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/dist genetica
109	LCT_1383	<i>U. asterias</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus/ U. chilensis/ U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/dist genetica
110	LCT_1386	<i>Pseudupeneus grandisquamis</i>	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
111	LCT_1387	<i>P. grandisquamis</i>	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
112	LCT_1388	<i>P. grandisquamis</i>	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
113	LCT_1396	<i>Trinectes fonsecensis</i>	NI	87	NI	0	<i>Achirus scutum</i>	Dist genetica
114	LCT_1407	<i>Citharichthys gilberti</i>	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
115	LCT_1408	<i>C. gilberti</i>	<i>C. gilberti</i>	99	<i>C. gilberti</i>	99,85	<i>C. gilberti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
116	LCT_1414	<i>Cathorops fuerthii</i>	<i>Sciades seemanni</i>	99	<i>S. seemanni</i>	99,85	<i>S. seemanni</i>	BLAST/BOLD
117	LCT_1415	<i>C. fuerthii</i>	<i>S. seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i>	BLAST/BOLD
118	LCT_1416	<i>C. fuerthii</i>	<i>S. seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i>	BLAST/BOLD
119	LCT_1422	<i>Eleotris picta</i>	<i>Bathygobius andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	BLAST/BOLD
120	LCT_1423	<i>E. picta</i>	<i>B. andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	BLAST/BOLD
121	LCT_1425	<i>E. picta</i>	<i>B. andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	BLAST/BOLD
122	LCT_1426	<i>E. picta</i>	<i>B. andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	100	<i>B. andrei</i>	BLAST/BOLD

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos		BLAST		BOLD	Especie	Basada en
		Especie		Especie	Iden- tidad	Especie		
123	LCT_1430	<i>Sphoeroides andersonianus</i>	NI		98	<i>S. annulatus/</i> <i>S. andersonianus</i>	99,82/ 99,07	<i>S. annulatus</i> BLAST/BOLD/dist genética
124	LCT_1440	<i>Chaetodipterus zonatus</i>	NI		97	<i>C. zonatus</i>	100	<i>C. zonatus</i> Taxónomo/BOLD
125	LCT_1441	<i>Diplectrum pacificum</i>	NI		91	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i> Taxónomo/BOLD
126	LCT_1446	<i>Xenichthys xanti</i>	<i>X. xanti</i>		99	<i>X. xanti</i>	100	<i>X. xanti</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
127	LCT_1448	<i>Etropus ectenes</i>	<i>E. ectenes</i>		100	<i>E. ectenes</i>	100	<i>E. ectenes</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
128	LCT_1461	<i>Gymnura marmorata</i>	<i>Gymnura sp.</i>		100	<i>G. marmorata</i>	100	<i>G. marmorata</i> Taxónomo/BOLD
129	LCT_1472	<i>E. ectenes</i>	<i>E. ectenes</i>		100	<i>E. ectenes</i>	100	<i>E. ectenes</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
130	LCT_1489	<i>Selene brevoortii</i>	<i>Caranx caninus/</i> <i>S. brevoortii</i>		99	<i>C. caninus/</i> <i>S. brevoortii</i>	100/ 99,85	<i>C. caninus</i> Dist genetica
131	LCT_1490	<i>Rypticus. nigripinnis</i>	NI		95	<i>R. nigripinnis</i>	100	<i>R. nigripinnis</i> Taxónomo/BOLD
132	LCT_1494	<i>Sphoeroides andersonianus</i>	NI		87	<i>S. trichocephalus/</i> <i>S. andersonianus</i>	100	<i>S. andersonianus</i> Taxónomo/BOLD
133	LCT_1495	<i>S. andersonianus</i>	NI		87	<i>S. andersonianus</i>	100	<i>S. andersonianus</i> Taxónomo/BOLD
134	LCT_1496	<i>S. andersonianus</i>	NI		87	<i>S. trichocephalus/</i> <i>S. andersonianus</i>	100	<i>S. andersonianus</i> Taxónomo/BOLD
135	LCT_1503	<i>Pomadasys panamensis</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i> Taxónomo/BOLD
136	LCT_1504	<i>P. panamensis</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i> Taxónomo/BOLD
137	LCT_1505	<i>P. panamensis</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i> Taxónomo/BOLD
138	LCT_1506	<i>P. panamensis</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i> Taxónomo/BOLD
139	LCT_1507	<i>P. panamensis</i>	NI		95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i> Taxónomo/BOLD
140	LCT_1514	<i>Sphoeroides kendalli</i>	<i>S. annulatus</i>		99	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. kendalli</i> Taxónomo
141	LCT_1526	<i>S. kendalli</i>	<i>S. annulatus</i>		99	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. kendalli</i> Taxónomo
142	LCT_1551	<i>Achirus scutum</i>	NI		87	NI	0	<i>A. scutum</i> Taxónomo
143	LCT_1552	<i>Achirus mazatlanus</i>	NI		92	<i>Trinectes fluviatilis</i>	99,68	<i>T. fluviatilis</i> BOLD/dist genetica

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica	identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD		Especie	Basada en
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad		
144	LCT_1559	<i>Hyporthodus niphobles</i>	<i>H. niphobles</i>	99	<i>H. niphobles</i>	100	<i>H. niphobles</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
145	LCT_1576	<i>Diplectrum maximum</i>	NI	90	<i>D. maximum/</i> <i>D. pacificum</i>	100/ 99,81	<i>D. maximum</i>	Taxónomo/BOLD
146	LCT_1577	<i>D. maximum</i>	NI	90	<i>D. maximum/</i> <i>D. pacificum</i>	100/ 99,81	<i>D. maximum</i>	Taxónomo/BOLD
147	LCT_1582	<i>Diodon holocanthus</i>	<i>D. holocanthus</i>	99	<i>D. holocanthus</i>	100	<i>D. holocanthus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
148	LCT_1583	<i>Batrachoides pacifici</i>	NI	79	<i>B. pacifici</i>	100	<i>B. pacifici</i>	Taxónomo/BOLD
149	LCT_1599	<i>Rypticus nigripinnis</i>	NI	95	<i>R. nigripinnis</i>	100	<i>R. nigripinnis</i>	Taxónomo/BOLD
150	LCT_1622	<i>Menticirrhus paitensis</i>	NI	91	<i>M. paitensis</i>	100	<i>M. paitensis</i>	Taxónomo/BOLD
151	LCT_1623	<i>M. paitensis</i>	NI	91	<i>M. paitensis</i>	100	<i>M. paitensis</i>	Taxónomo/BOLD
152	LCT_1624	<i>M. paitensis</i>	NI	91	<i>M. paitensis</i>	100	<i>M. paitensis</i>	Taxónomo/BOLD
153	LCT_1628	<i>Pseudupeneus grandisquamis</i>	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
154	LCT_1630	<i>Lutjanus argentiventris</i>	<i>L. apodus/</i> <i>L. argentiventris</i>	99/ 99	<i>L. argentiventris</i>	100	<i>L. argentiventris</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
155	LCT_1639	<i>Gymnura marmorata</i>	<i>Gymnura sp.</i>	100	<i>G. marmorata</i>	100	<i>G. marmorata</i>	Taxónomo/BOLD
156	LCT_1658	<i>L. argentiventris</i>	<i>L. apodus/</i> <i>L. argentiventris</i>	99/ 99	<i>L. argentiventris</i>	100	<i>L. argentiventris</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
157	LCT_1660	<i>Chaetodipterus zonatus</i>	NI	97	<i>C. zonatus</i>	99,7	<i>C. zonatus</i>	Taxónomo/BOLD
158	LCT_1664	<i>L. argentiventris</i>	<i>L. argentiventris</i>	100	<i>L. argentiventris</i>	100	<i>L. argentiventris</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
159	LCT_1666	<i>Bairdiella ensifera</i>	NI	97	<i>Stellifer ericymba</i>	99,84	<i>B. ensifera</i>	Taxónomo
160	LCT_1671	<i>Narcine entemedor</i>	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
161	LCT_1672	<i>N. entemedor</i>	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
162	LCT_1712	<i>Centropomus robalito</i>	NI	87	<i>C. robalito</i>	100	<i>C. robalito</i>	Taxónomo/BOLD
163	LCT_1713	<i>C. robalito</i>	NI	87	<i>C. robalito</i>	100	<i>C. robalito</i>	Taxónomo/BOLD
Continúa...								

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

		Identificación morfológica	identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD			
N°	Código ejemplar	Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad	Especie	Basada en
164	LCT_1714	<i>Anisotremus interruptus</i>	<i>A. interruptus</i>	99	<i>A. interruptus</i>	100	<i>A. interruptus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
165	LCT_1715	<i>A. interruptus</i>	<i>A. interruptus</i>	99	<i>A. interruptus</i>	99,84	<i>A. interruptus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
166	LCT_1716	<i>A. interruptus</i>	<i>A. interruptus</i>	99	<i>A. interruptus</i>	100	<i>A. interruptus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
167	LCT_1717	<i>A. interruptus</i>	<i>A. interruptus</i>	99	<i>A. interruptus</i>	100	<i>A. interruptus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
168	LCT_1718	<i>Lutjanus argentiventris</i>	<i>L. apodus/L. argentiventris</i>	99	<i>L. argentiventris</i>	100	<i>L. argentiventris</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
169	LCT_172	<i>Diplectrum pacificum</i>	NI	94	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
170	LCT_1728	<i>Haemulopsis leuciscus</i>	<i>H. leuciscus</i>	99	<i>H. leuciscus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/BOLD
171	LCT_1729	<i>H. leuciscus</i>	<i>H. leuciscus</i>	99	<i>H. leuciscus</i>	100	<i>H. leuciscus</i>	Taxónomo/BOLD
172	LCT_173	<i>D. pacificum</i>	NI	94	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
173	LCT_174	<i>D. pacificum</i>	NI	94	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
174	LCT_1746	<i>Xenichthys xanti</i>	<i>X. xanti</i>	99	<i>X. xanti</i>	100	<i>X. xanti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
175	LCT_175	<i>D. pacificum</i>	NI	94	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
176	LCT_1751	<i>A. mazatlanus</i>	NI	94	<i>A. kluzingeri/A. mazatlanus</i>	99,2/ 96,57	<i>A. mazatlanus</i>	Taxónomo
177	LCT_176	<i>Diplectrum pacificum</i>	NI	94	<i>D. pacificum</i>	100	<i>D. pacificum</i>	Taxónomo/BOLD
178	LCT_1788	<i>Diodon holocanthus</i>	<i>D. holocanthus</i>	99	<i>D. holocanthus</i>	99,84	<i>D. holocanthus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
179	LCT_1811	<i>Albula vulpes</i>	NI	91	<i>A. nemoptera</i>	99,69	<i>A. vulpes</i>	Taxónomo
180	LCT_1812	<i>A. vulpes</i>	NI	92	<i>A. nemoptera</i>	99,69	<i>A. vulpes</i>	Taxónomo
181	LCT_1819	<i>Urotrygon peruanus</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus/U. chilensis/U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/taxónomo
182	LCT_1823	<i>U. peruanus</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus/U. chilensis/U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/taxónomo
Continúa...								

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD		Especie	Basada en
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad		
183	LCT_1824	<i>U. peruanus</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus</i> / <i>U. chilensis</i> / <i>U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/taxónomo
184	LCT_1834	<i>Centropomus viridis</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	Taxónomo/BOLD
185	LCT_1835	<i>C. viridis</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	Taxónomo/BOLD
186	LCT_184	<i>Gobiomorus maculatus</i>	<i>G. maculatus</i>	100	<i>G. maculatus</i>	100	<i>G. maculatus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
187	LCT_1842	<i>C. viridis</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	Taxónomo/BOLD
188	LCT_1843	<i>C. viridis</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	Taxónomo/BOLD
189	LCT_185	<i>G. maculatus</i>	<i>G. maculatus</i>	99	<i>G. maculatus</i>	99,83	<i>G. maculatus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
190	LCT_1855	<i>Synodus scituliceps</i>	NI	88	<i>S. scituliceps</i>	99,69	<i>S. scituliceps</i>	Taxónomo/BOLD
191	LCT_1857	<i>Lile stolifera</i>	NI	87	<i>L. stolifera</i>	99,39	<i>L. stolifera</i>	Taxónomo/BOLD
192	LCT_1858	<i>L. stolifera</i>	NI	87	<i>L. stolifera</i>	98,92	<i>L. stolifera</i>	Taxónomo/BOLD
193	LCT_186	<i>Gobiomorus maculatus</i>	<i>G. maculatus</i>	100	<i>G. maculatus</i>	100	<i>G. maculatus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
194	LCT_1863	<i>L. stolifera</i>	NI	87	<i>L. stolifera</i>	98,92	<i>L. stolifera</i>	Taxónomo/BOLD
195	LCT_1864	<i>L. stolifera</i>	NI	87	<i>L. stolifera</i>	98,92	<i>L. stolifera</i>	Taxónomo/BOLD
196	LCT_1868	<i>Rypticus nigripinnis</i>	NI	95	<i>R. nigripinnis</i>	99,69	<i>R. nigripinnis</i>	Taxónomo/BOLD
197	LCT_1869	<i>Strongylura exilis</i>	NI	91	NI	0	<i>S. exilis</i>	Taxónomo
198	LCT_1875	<i>Chaetodon humeralis</i>	NI	95	<i>C. humeralis</i>	99,85	<i>C. humeralis</i>	Taxónomo/BOLD
199	LCT_1876	<i>Xenichthys xanti</i>	<i>X. xanti</i>	99	<i>X. xanti</i>	100	<i>X. xanti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
200	LCT_1896	<i>Trinectes fonsecensis</i>	NI	87	NI	0	<i>A. scutum</i>	Dist genetica
201	LCT_1897	<i>Urotrygon peruanus</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus</i> / <i>U. chilensis</i> / <i>U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/taxónomo
Continúa...								

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos		BLAST		BOLD		Especie	Basada en
		Especie		Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad		
202	LCT_1898	<i>U. peruanus</i>		<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus</i> / <i>U. chilensis</i> / <i>U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/taxónomo
203	LCT_1913	<i>Sphoeroides annulatus</i>		<i>S. annulatus</i>	99	<i>S. annulatus</i>	99,84	<i>S. annulatus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
204	LCT_1914	<i>S. annulatus</i>		<i>S. annulatus</i>	99	<i>S. kendalli</i> / <i>S. annulatus</i>	100/ 100	<i>S. kendalli</i>	BOLD/dist genetica
205	LCT_1915	<i>S. kendalli</i>		NI	98	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. kendalli</i>	Taxónomo
206	LCT_1916	<i>S. trichocephalus</i>		NI	86	<i>S. trichocephalus</i> / <i>S. andersonianus</i>	100/ 100	<i>S. andersonianus</i>	Taxónomo/BOLD
207	LCT_1917	<i>S. trichocephalus</i>		<i>S. annulatus</i>	99	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i>	BLAST/BOLD/dist genética
208	LCT_1925	<i>Strongylura exilis</i>		NI	91	NI	0	<i>S. exilis</i>	Taxónomo
209	LCT_1926	<i>S. exilis</i>		NI	91	NI	0	<i>S. exilis</i>	Taxónomo
210	LCT_1927	<i>S. exilis</i>		NI	91	NI	0	<i>S. exilis</i>	Taxónomo
211	LCT_1928	<i>Hyporthodus niphobles</i>		<i>H. niphobles</i>	99	<i>H. niphobles</i>	99,69	<i>H. niphobles</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
212	LCT_1929	<i>Merluccius gayi peruanus</i>		<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi peruanus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
213	LCT_1934	<i>A. serrivomer</i>		NI	85	NI	0	<i>A. serrivomer</i>	Taxónomo
214	LCT_1936	<i>A. serrivomer</i>		NI	85	NI	0	<i>A. serrivomer</i>	Taxónomo
215	LCT_1947	<i>Syacium ovale</i>		NI	86	<i>S. ovale</i>	100	<i>S. ovale</i>	Taxónomo/BOLD
216	LCT_1948	<i>S. ovale</i>		NI	86	<i>S. ovale</i>	100	<i>S. ovale</i>	Taxónomo/BOLD
217	LCT_1949	<i>S. ovale</i>		NI	86	<i>S. ovale</i>	100	<i>S. ovale</i>	Taxónomo/BOLD
218	LCT_1962	<i>Hyporthodus niphobles</i>		<i>H. niphobles</i>	99	<i>H. niphobles</i>	100	<i>H. niphobles</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
219	LCT_1984	<i>Rypticus nigripinnis</i>		NI	95	<i>R. nigripinnis</i>	100	<i>R. nigripinnis</i>	Taxónomo/BOLD
220	LCT_2012	<i>M. gayi peruanus</i>		<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi peruanus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos		BLAST		BOLD	Especie	Basada en
		Especie		Especie	Iden- tidad	Especie		
221	LCT_2038	<i>Urotrygon peruanus</i>		<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus</i> / <i>U. chilensis</i> / <i>U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i> BOLD/taxónomo
222	LCT_2039	<i>U. peruanus</i>		<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus</i>	100	<i>U. peruanus</i> BOLD/taxónomo
223	LCT_2050	<i>Hyporhamphus unifasciatus</i>		NI	98	<i>H. unifasciatus</i>	100	<i>H. unifasciatus</i> Taxónomo/BOLD
224	LCT_206	<i>Mugil curema</i>		<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
225	LCT_207	<i>Bagre panamensis</i>		<i>B. panamensis</i>	99	<i>B. panamensis</i>	100	<i>B. panamensis</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
226	LCT_2072	<i>Anchoa ischana</i>		NI	91	NI	0	<i>A. ischana</i> Taxónomo
227	LCT_208	<i>Bagre panamensis</i>		<i>B. panamensis</i>	99	<i>B. panamensis</i>	100	<i>B. panamensis</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
228	LCT_209	<i>B. panamensis</i>		<i>B. panamensis</i>	99	<i>B. panamensis</i>	100	<i>B. panamensis</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
229	LCT_210	<i>B. panamensis</i>		<i>B. panamensis</i>	99	<i>B. panamensis</i>	100	<i>B. panamensis</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
230	LCT_211	<i>B. panamensis</i>		<i>B. panamensis</i>	99	<i>B. panamensis</i>	100	<i>B. panamensis</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
231	LCT_2133	<i>Albula vulpes</i>		NI	91	<i>A. nemoptera</i>	99,64	<i>A. vulpes</i> Taxónomo
232	LCT_2134	<i>Synodus scituliceps</i>		NI	88	<i>S. scituliceps</i>	100	<i>S. scituliceps</i> Taxónomo/BOLD
233	LCT_215	<i>Selene brevoortii</i>		<i>S. brevoortii</i>	99	<i>S. brevoortii</i>	100	<i>S. brevoortii</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
234	LCT_216	<i>S. brevoortii</i>		<i>S. brevoortii</i>	99	<i>S. brevoortii</i>	100	<i>S. brevoortii</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
235	LCT_217	<i>Oreochromis niloticus</i>		<i>O. niloticus</i>	100	<i>O. aureus</i>	100	<i>O. niloticus</i> Taxónomo/BLAST
236	LCT_218	<i>O. niloticus</i>		<i>O. niloticus</i>	100	<i>O. aureus</i>	100	<i>O. niloticus</i> Taxónomo/BLAST
237	LCT_219	<i>O. niloticus</i>		<i>O. niloticus</i>	100	<i>O. aureus</i>	100	<i>O. niloticus</i> Taxónomo/BLAST
238	LCT_2195	<i>Cathorops multiradiatus</i>		NI	92	<i>Stellifer melanocheir</i>	100	<i>S. melanocheir</i> BOLD
239	LCT_2196	<i>C. multiradiatus</i>		NI	92	<i>S. melanocheir</i>	100	<i>S. melanocheir</i> BOLD
240	LCT_2197	<i>C. multiradiatus</i>		NI	92	<i>S. melanocheir</i>	100	<i>S. melanocheir</i> BOLD
241	LCT_220	<i>O. niloticus</i>		<i>O. niloticus</i>	100	<i>O. aureus</i>	100	<i>O. niloticus</i> Taxónomo/BLAST

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética		Identificación consensuada	
		Taxónomos		BLAST		BOLD	
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad	Basada en
242	LCT_221	<i>O. niloticus</i>	<i>O. niloticus</i>	100	<i>O. aureus</i>	100	<i>O. niloticus</i> Taxónomo/BLAST
243	LCT_222	<i>Sphoeroides annulatus</i>	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
244	LCT_223	<i>Eleotris picta</i>	<i>E. picta</i>	99	<i>E. picta</i>	100	<i>E. picta</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
245	LCT_2247	<i>Synodus scituliceps</i>	NI	88	<i>S. scituliceps</i>	99,84	<i>S. scituliceps</i> Taxónomo/BOLD
246	LCT_2249	<i>Strongylura</i> <i>S. scapularis</i>	NI	86	NI	0	<i>S. scapularis</i> Taxónomo
247	LCT_228	<i>Oreochromis mossambicus</i>	<i>O. niloticus</i>	100	<i>O. aureus</i> / <i>Oreochromis sp.</i>	100/ 100	<i>O. niloticus</i> BLAST/dist genetica
248	LCT_229	<i>O. mossambicus</i>	<i>O. urolepis</i>	100	<i>O. urolepis</i>	100	<i>O. urolepis</i> BLAST/BOLD
249	LCT_238	<i>Awaous trasandeanus</i>	<i>A. banana</i>	99	<i>A. banana</i>	99,84	<i>A. banana</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
250	LCT_262	<i>Oreochromis mossambicus</i>	<i>O. niloticus</i> / <i>O. aureus</i>	100	<i>O. aureus</i>	100	<i>O. aureus</i> BLAST/BOLD/dist genetica
251	LCT_263	<i>O. mossambicus</i>	<i>O. urolepis</i>	100	<i>O. urolepis</i>	100	<i>O. urolepis</i> BLAST/BOLD
252	LCT_264	<i>O. mossambicus</i>	<i>O. aureus</i> / <i>O. mossambicus</i>	100/ 100	<i>O. aureus</i> / <i>O. mossambicus</i>	100/ 100	<i>O. mossambicus</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
253	LCT_290	<i>Genyatremus pacifici</i>	<i>A. pacifici</i> (Sinónimo <i>G. pacifici</i>)	100	<i>G. pacifici</i>	99	<i>G. pacifici</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
254	LCT_291	<i>Sphoeroides annulatus</i>	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
255	LCT_316	<i>Trachinotus paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	100	<i>T. paitensis</i>	100	<i>T. paitensis</i> Taxónomo/BOLD
256	LCT_317	<i>T. paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	99	<i>T. paitensis</i>	99,85	<i>T. paitensis</i> Taxónomo/BOLD
257	LCT_318	<i>T. paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	100	<i>T. paitensis</i>	100	<i>T. paitensis</i> Taxónomo/BOLD
258	LCT_320	<i>T. paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	99	<i>T. paitensis</i>	99,69	<i>T. paitensis</i> Taxónomo/BOLD
259	LCT_323	<i>T. paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	100	<i>T. paitensis</i>	100	<i>T. paitensis</i> Taxónomo/BOLD
260	LCT_324	<i>T. paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	99	<i>T. paitensis</i>	99,85	<i>T. paitensis</i> Taxónomo/BOLD
261	LCT_325	<i>T. paitensis</i>	<i>T. carolinus</i>	99	<i>T. paitensis</i>	99,85	<i>T. paitensis</i> Taxónomo/BOLD
262	LCT_330	<i>Citharichthys gilberti</i>	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
263	LCT_341	<i>Mycteroperca xenarcha</i>	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i> Taxónomo/BLAST/BOLD

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos		BLAST		BOLD	Especie	Basada en
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad		
264	LCT_342	<i>M. xenarcha</i>	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
265	LCT_343	<i>M. xenarcha</i>	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
266	LCT_344	<i>M. xenarcha</i>	<i>M. xenarcha</i>	99	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
267	LCT_345	<i>M. xenarcha</i>	<i>M. xenarcha</i>	99	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
268	LCT_351	<i>Centropomus nigrescens</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	99,84	<i>C. viridis</i>	BOLD/dist genetica
269	LCT_352	<i>C. viridis</i>	NI	90	<i>C. viridis</i>	100	<i>C. viridis</i>	Taxónomo/BOLD
270	LCT_354	<i>M. paitensis</i>	<i>M. elongatus</i>	99	<i>M. paitensis</i>	100	<i>M. paitensis</i>	Taxónomo/BOLD
271	LCT_355	<i>Mugil aff.curema</i>	<i>M. curema</i>	99	<i>Mugil sp. / M. curema</i>	100/ 100	<i>M. curema</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
272	LCT_379	<i>Cyclopsetta querna</i>	<i>C. querna</i>	99	<i>C. querna</i>	100	<i>C. querna</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
273	LCT_411	<i>Sphoeroides andersonianus</i>	NI	98	<i>S. andersonianus/ S. annulatus</i>	100/ 99,5	<i>S. annulatus</i>	BLAST/BOLD/dist genética
274	LCT_425	<i>Narcine entemedor</i>	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
275	LCT_431	<i>Ctenogobius sagittula</i>	<i>C. sagittula</i>	99	<i>C. sagittula</i>	100	<i>C. sagittula</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
276	LCT_433	<i>C. sagittula</i>	<i>C. sagittula</i>	99	<i>C. sagittula</i>	99,68	<i>C. sagittula</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
277	LCT_434	<i>C. sagittula</i>	<i>C. sagittula</i>	99	<i>C. sagittula</i>	100	<i>C. sagittula</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
278	LCT_435	<i>C. sagittula</i>	<i>C. sagittula</i>	99	<i>C. sagittula</i>	99,85	<i>C. sagittula</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
279	LCT_436	<i>C. sagittula</i>	<i>C. sagittula</i>	99	<i>C. sagittula</i>	100	<i>C. sagittula</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
280	LCT_438	<i>Mugil curema</i>	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD/ dist genética
281	LCT_439	<i>M. curema</i>	<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
282	LCT_440	<i>M. curema</i>	<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
283	LCT_441	<i>Centropomus unionensis</i>	NI	84	NI	0	<i>C. unionensis</i>	Taxónomo
284	LCT_444	<i>Eugerres periche</i>	NI	95	<i>Pomadasys panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/dist genetica
Continúa...								

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

		Identificación morfológica	identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD			
N°	Código ejemplar	Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad	Especie	Basada en
285	LCT_450	<i>Diapterus peruvianus</i>	<i>D. brevirostris</i>	99	<i>D. brevirostris</i>	100	<i>D. peruvianus</i>	Taxónomo/dist genética
286	LCT_456	<i>Centropomus robalito</i>	NI	87	<i>C. robalito</i>	100	<i>C. robalito</i>	Taxónomo/BOLD
287	LCT_458	<i>C. robalito</i>	NI	86	<i>C. robalito</i>	100	<i>C. robalito</i>	Taxónomo/BOLD
288	LCT_505	<i>Daector dowi</i>	NI	90	<i>D. dowi</i>	100	<i>D. dowi</i>	Taxónomo/BOLD
289	LCT_531	<i>Rypticus nigripinnis</i>	NI	95	<i>R. nigripinnis</i>	100	<i>R. nigripinnis</i>	Taxónomo/BOLD
290	LCT_546	<i>Synodus scituliceps</i>	NI	88	<i>S. scituliceps</i>	100	<i>S. scituliceps</i>	Taxónomo/BOLD
291	LCT_573	<i>Urotrygon asterias</i>	<i>U. chilensis</i>	99	<i>U. peruanus/ U. chilensis/ U. asterias</i>	100/ 100/ 100	<i>U. peruanus</i>	BOLD/dist genetica
292	LCT_590	<i>Albula vulpes</i>	NI	92	<i>A. vulpes</i>	100	<i>A. vulpes</i>	Taxónomo/BOLD
293	LCT_601	<i>Pseudupeneus grandisquamis</i>	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	100	<i>P. grandisquamis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
294	LCT_637	<i>Narcine entemedor</i>	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
295	LCT_638	<i>N. entemedor</i>	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
296	LCT_639	<i>N. entemedor</i>	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	100	<i>N. entemedor</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
297	LCT_646	<i>Gymnura marmorata</i>	<i>Gymnura sp.</i>	100	<i>G. marmorata</i>	100	<i>G. marmorata</i>	Taxónomo/BOLD
298	LCT_649	<i>Sphoeroides annulatus</i>	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
299	LCT_651	<i>Parapsettus panamensis</i>	NI	97	<i>Chaetodipterus zonatus</i>	100	<i>C. zonatus</i>	BOLD/dist genetica
300	LCT_652	<i>P. panamensis</i>	NI	97	<i>C. zonatus</i>	100	<i>C. zonatus</i>	BOLD/dist genetica
301	LCT_656	<i>Anisotremus interruptus</i>	<i>A. interruptus</i>	99	<i>A. interruptus</i>	100	<i>A. interruptus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
302	LCT_697	<i>A. interruptus</i>	<i>A. interruptus</i>	99	<i>A. interruptus</i>	100	<i>A. interruptus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
303	LCT_740	<i>Menticirrhus paitensis</i>	NI	89	<i>M. paitensis</i>	100	<i>M. paitensis</i>	Taxónomo/BOLD
304	LCT_742	<i>Etropus ectenes</i>	<i>E. ectenes</i>	99	<i>E. ectenes</i>	100	<i>E. ectenes</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
305	LCT_804	<i>Chaetodipterus zonatus</i>	NI	97	<i>C. zonatus</i>	100	<i>C. zonatus</i>	Taxónomo/BOLD
Continúa...								

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética			Identificación consensuada	
		Taxónomos		BLAST		BOLD	Especie	Basada en
		Especie		Especie	Iden- tidad	Especie		
306	LCT_805	<i>C. zonatus</i>	NI	95	<i>C. zonatus</i>	100	<i>C. zonatus</i>	Taxónomo/BOLD
307	LCT_806	<i>C. zonatus</i>	NI	97	<i>C. zonatus</i>	100	<i>C. zonatus</i>	Taxónomo/BOLD
308	LCT_807	<i>C. zonatus</i>	NI	97	<i>C. zonatus</i>	100	<i>C. zonatus</i>	Taxónomo/BOLD
309	LCT_835	<i>Gobiomorus maculatus</i>	<i>G. maculatus</i>	99	<i>G. maculatus</i>	99,84	<i>G. maculatus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
310	LCT_847	<i>Awaous trasandeanus</i>	<i>A. banana</i>	99	<i>A. banana</i>	100	<i>A. banana</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
311	LCT_848	<i>A. trasandeanus</i>	<i>A. banana</i>	99	<i>A. banana</i>	100	<i>A. banana</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
312	LCT_849	<i>A. trasandeanus</i>	<i>A. banana</i>	99	<i>A. banana</i>	99,84	<i>A. banana</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
313	LCT_851	<i>Merluccius gayi peruanus</i>	<i>M. gayi</i>	99	<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi peruanus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
314	LCT_853	<i>M. gayi peruanus</i>	<i>M. gayi</i>	99	<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi peruanus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
315	LCT_855	<i>M. gayi peruanus</i>	<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi</i>	100	<i>M. gayi peruanus</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
316	LCT_891	<i>Mycteroperca xenarcha</i>	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	100	<i>M. xenarcha</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
317	LCT_902	<i>Centropomus robalito</i>	NI	86	<i>C. robalito</i>	100	<i>C. robalito</i>	Taxónomo/BOLD
318	LCT_903	<i>C. robalito</i>	NI	86	<i>C. robalito</i>	100	<i>C. robalito</i>	Taxónomo/BOLD
319	LCT_904	<i>C. robalito</i>	NI	86	<i>C. robalito</i>	100	<i>C. robalito</i>	Taxónomo/BOLD
320	LCT_905	<i>C. armatus</i>	NI	86	<i>C. robalito/ Centropomus sp.</i>	100/ 99,65	<i>C. robalito</i>	Dist genetica
321	LCT_908	<i>Dormitator latifrons</i>	<i>D. latifrons</i>	99	<i>D. latifrons</i>	100	<i>D. latifrons</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
322	LCT_911	<i>D. latifrons</i>	<i>D. latifrons</i>	99	<i>D. latifrons</i>	100	<i>D. latifrons</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
323	LCT_913	<i>D. latifrons</i>	<i>D. latifrons</i>	99	<i>D. latifrons</i>	100	<i>D. latifrons</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
324	LCT_915	<i>Atherinella serrivomer</i>	NI	85	NI	0	<i>A. serrivomer</i>	Taxónomo
325	LCT_916	<i>Poecilia reticulata</i>	<i>Poecilia sp.</i>	100	<i>Poecilia sp./ P. mexicana</i>	99,85/ 99,85	<i>P. reticulata</i>	Taxónomo
326	LCT_917	<i>P. reticulata</i>	<i>Poecilia sp.</i>	100	<i>Poecilia sp./ P. mexicana</i>	99,85/ 99,85	<i>P. reticulata</i>	Taxónomo

Continúa...

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

N°	Código ejemplar	Identificación morfológica		identificación genética		Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD		Basada en
		Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad	
327	LCT_918	<i>P. reticulata</i>	<i>Poecilia sp.</i>	100	<i>Poecilia sp./</i> <i>P. mexicana</i>	99,85/ 99,85	<i>P. reticulata</i> Taxónomo
328	LCT_919	<i>P. reticulata</i>	<i>Poecilia sp.</i>	100	<i>Poecilia sp./</i> <i>P. mexicana</i>	99,85/ 99,85	<i>P. reticulata</i> Taxónomo
329	LCT_920	<i>P. reticulata</i>	<i>Poecilia sp.</i>	100	<i>Poecilia sp./</i> <i>P. mexicana</i>	99,85/ 99,85	<i>P. reticulata</i> Taxónomo
330	LCT_932	<i>Achirus mazatlanus</i>	NI	95	<i>Bothus leopardinus/</i> <i>A. mazatlanus</i>	98,92/ 97,38	<i>A. mazatlanus</i> Taxónomo
331	LCT_940	<i>Mugil cephalus</i>	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
332	LCT_941	<i>M. cephalus</i>	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i>	100	<i>M. cephalus</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
333	LCT_950	<i>Eleotris picta</i>	<i>E. picta</i>	99	<i>E. picta</i>	100	<i>E. picta</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
334	LCT_953	<i>Gerres cinereus</i>	<i>G. Simillimus/</i> <i>G. cinereus</i>	100/ 100	<i>G. cinereus</i>	100	<i>G. cinereus</i> Taxónomo/BOLD
335	LCT_954	<i>G. cinereus</i>	<i>G. simillimus/</i> <i>G. cinereus</i>	100/ 100	<i>G. cinereus</i>	100	<i>G. cinereus</i> Taxónomo/BOLD
336	LCT_955	<i>G. cinereus</i>	<i>G. simillimus/</i> <i>G. cinereus</i>	100/ 100	<i>G. cinereus</i>	100	<i>G. cinereus</i> Taxónomo/BOLD
337	LCT_956	<i>Mugil curema</i>	<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i>	100	<i>M. curema</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
338	LCT_958	<i>Eucinostomus currani</i>	<i>E. currani</i>	100	<i>E. currani</i>	100	<i>E. currani</i> Taxónomo/BLAST/BOLD
339	LCT_961	<i>Centropomus armatus</i>	NI	86	<i>C. robalito/</i> <i>Centropomus sp.</i>	100/ 99,65	<i>C. robalito</i> Dist genetica
340	LCT_962	<i>C. armatus</i>	NI	86	<i>C. robalito/</i> <i>Centropomus sp.</i>	100/ 99,65	<i>C. robalito</i> Dist genetica
341	LCT_963	<i>C. armatus</i>	NI	86	<i>C. robalito/</i> <i>Centropomus sp.</i>	100/ 99,65	<i>C. robalito</i> Dist genetica
342	LCT_964	<i>C. unionensis</i>	NI	84	NI	0	<i>C. unionensis</i> Taxónomo
343	LCT_965	<i>Cathorops fuerthii</i>	<i>Sciades seemanni</i>	99	<i>S. seemanni</i>	99,85	<i>S. seemanni</i> BLAST/BOLD
344	LCT_966	<i>C. fuerthii</i>	<i>S. seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i>	100	<i>S. seemanni</i> BLAST/BOLD
Continúa...							

Tabla 9. Identificación consensuada de cada ejemplar de pez evaluado (NI significa especie no identificada)

		Identificación morfológica	identificación genética				Identificación consensuada	
		Taxónomos	BLAST		BOLD			
N°	Código ejemplar	Especie	Especie	Iden- tidad	Especie	Iden- tidad	Especie	Basada en
345	LCT_972	<i>Pomadasys panamensis</i>	NI	95	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	Taxónomo/BOLD
346	LCT_973	<i>Atherinella pachylepis</i>	NI	85	NI	0	<i>A. pachylepis</i>	Taxónomo
347	LCT_974	<i>Gerres cinereus</i>	<i>G. simillimu / G. cinereus</i>	100/ 100	<i>G. cinereus</i>	100	<i>G. cinereus</i>	Taxónomo/BOLD
348	LCT_979	<i>Lutjanus argentiventris</i>	<i>L. argentiventris</i>	99	<i>L. argentiventris</i>	100	<i>L. argentiventris</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
349	LCT_983	<i>C. nigrescens</i>	NI	86	<i>C. robalito/ Centropomus sp.</i>	100/ 99,65	<i>C. viridis</i>	Dist genetica
350	LCT_986	<i>A. pachylepis</i>	NI	85	NI	0	<i>A. pachylepis</i>	Taxónomo
351	LCT_987	<i>A. pachylepis</i>	NI	85	NI	0	<i>A. pachylepis</i>	Taxónomo
352	LCT_988	<i>A. pachylepis</i>	NI	85	NI	0	<i>A. pachylepis</i>	Taxónomo
353	LCT_994	<i>Citharichthys gilberti</i>	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i>	100	<i>C. gilberti</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
354	LCT 1347	<i>Elops affinis</i>	<i>E. affinis</i>	99,85	<i>E. affinis</i>	100	<i>E. affinis</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
355	LCT 1406	<i>Pomadasys aff.macracanthus</i>	NI	94,78	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/ Dist genetica
356	LCT 1402	<i>P. aff.macracanthus</i>	NI	94,78	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/ Dist genetica
357	LCT 1403	<i>P. aff.macracanthus</i>	NI	94,78	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/ Dist genetica
358	LCT 1405	<i>P. aff.macracanthus</i>	NI	94,78	<i>P. panamensis</i>	100	<i>P. panamensis</i>	BOLD/ Dist genetica
359	LCT 1404	<i>P. branickii</i>	NI	98,15	<i>P. branickii</i>	100	<i>P. branickii</i>	Taxónomo/ BOLD
360	LCT 1385	<i>Pseudobalistes naufragium</i>	<i>P. naufragium</i>	100	<i>P. naufragium</i>	100	<i>P. naufragium</i>	Taxónomo/BLAST/BOLD
361	LCT 1345	<i>Sphoeroides sechurae</i>	<i>S. annulatus</i>	99,54	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i>	BLAST/BOLD/ Dist genetica
362	LCT 1346	<i>S. sechurae</i>	<i>S. annulatus</i>	99,54	<i>S. annulatus</i>	100	<i>S. annulatus</i>	BLAST/BOLD/ Dist genetica

DEDICATORIA

A Jehová Dios por darme la vida y las fuerzas para llevar a cabo esta investigación.

A mi familia, por el apoyo incondicional hacia mi persona, sin el cual no hubiese sido posible realizar la presente investigación.

A mi novia, Johana, por su gran comprensión, puesto que para poder realizar la presente investigación tuvimos que sacrificar gran parte del tiempo que reservábamos para nosotros.

AGRADECIMIENTO

A Fondecyt, por el financiamiento proporcionado para llevar adelante el Proyecto de Investigación 192-2015: “Identificación molecular de ADN de la diversidad ictiológica de los ambientes marinos, de manglar y continental del departamento de Tumbes”, dentro del cual se tuvo la oportunidad de realizar la presente tesis.

A mis asesores: Dr. Pedro Saúl Castillo Carrillo y Dra. Zoila Raquel Siccha Ramírez, por su valioso y desinteresado apoyo prestado en la elaboración del proyecto, la ejecución y redacción de la tesis.

A los miembros de mi jurado de tesis: Dra. Enedia G. Vieyra Peña, Dr. Auberto Hidalgo Mogollón, Dr. Oscar Augusto Mendoza Neyra, Ph.D. Eric Mialhe y Ph.D. Virna Cedeño Escobar, por sus valiosos aportes y sugerencias que me permitieron mejorar la presente tesis.

A los amigos integrantes del Proyecto “Identificación molecular de ADN de la diversidad ictiológica de los ambientes marinos, de manglar y continental del departamento de Tumbes”, equipo liderado por la Dra. Zoila Raquel Siccha Ramírez e intergrado por la Mg. Mervin Guevara, Coordinadora del Laboratorio Costero de Imarpe Tumbes, a los taxónomos: Dr. Ricardo Britzke, Blgo. Carlos Luque Sánchez y Blgo. Manuel Vera, al Coordinador Administrativo (Q.E.P.D.): Wagner Samir Fernández Saldarriaga, al personal técnico del proyecto, así como a mi ex-alumno, Ronald Campaña Maza, gracias por todo su apoyo y colaboración, sin la cual no hubiese sido posible concretar esta investigación.

A todos mil gracias