



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú. Decana de América

Facultad de Ciencias Biológicas

Escuela Profesional de Ciencias Biológicas

Identificación morfológica y molecular para decápodos de la familia Porcellanidae (Anomura: Galattheoidea) colectados en el intermareal y submareal peruano

TESIS

Para optar el Título Profesional de Bióloga con mención en
Hidrobiología y Pesquería

AUTOR

Cindy Melissa MENDOZA LOZANO

ASESORES

Dr. Jorge RAMIREZ MALAVER

Dra. Daniela Lidia NÚÑEZ RODRÍGUEZ (coasesor)

Lima, Perú

2022



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Mendoza, C. (2022). *Identificación morfológica y molecular para decápodos de la familia Porcellanidae (Anomura: Galattheoidea) colectados en el intermareal y submareal peruano*. [Tesis de pregrado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, Escuela Profesional de Ciencias Biológicas]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.

Metadatos complementarios

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Cindy Melissa Mendoza Lozano
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	72222581
URL de ORCID	No aplica
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Jorge Luis Ramírez Malaver
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	43352480
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0001-8138-9203
Datos de coasesor	
Nombres y apellidos	Daniela Lidia Núñez Rodríguez
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	43316021
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-3638-1752
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	Ricardo Britzke Britzke
Tipo de documento	Carné de extranjería emitido en Perú
Número de documento de identidad	BR/ 001314410
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	Juan Pedro Arguelles Torres
Tipo de documento	DNI

Número de documento de identidad	08448131
Miembro del jurado 2	
Nombres y apellidos	Giovanna Elizabeth Sotil Caycho
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	25836223
Miembro del jurado 3	
Nombres y apellidos	Jorge Luis Ramírez Malaver
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	43352480
Datos de investigación	
Línea de investigación	A.1.1.3. Diversidad Genética.
Grupo de investigación	Evolución molecular de la Biota en el Perú – EMBPE
Agencia de financiamiento	Perú. Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (Fondecyt). Proyectos de Investigación Básica 2019 – 01. Contrato 363-2019.
Ubicación geográfica de la investigación	Edificio: Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos País: Perú Departamento: Lima Provincia: Lima Distrito: Cercado de Lima Calle: Block 34, Ciudad Universitaria - UNMSM, Av. República de Venezuela, Lima, Perú Latitud: -12.059065655411615, Longitud: -77.0818271926098
Año o rango de años en que se realizó la investigación	Octubre 2020 – Diciembre 2021
URL de disciplinas OCDE	Biología marina, Biología de agua dulce, Limnología https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.12 Genética, Herencia https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.07



Universidad Nacional Mayor de San Marcos
(Universidad del Perú, Decana de América)

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

**ACTA DE SESIÓN PARA OPTAR AL TÍTULO PROFESIONAL DE
BIÓLOGA CON MENCIÓN EN HIDROBIOLOGÍA Y PESQUERÍA
(MODALIDAD: SUSTENTACIÓN VIRTUAL DE TESIS)**

Siendo las 16:00 horas del 29 de agosto de 2022, en el Salón de Grados Virtual de la Facultad de Ciencias Biológicas cuya dirección electrónica fue <https://meet.google.com/fsi-xwwe-zsc>, y en presencia del Jurado formado por los profesores que suscriben, se inició la sesión para optar al **Título Profesional de Bióloga con mención en Hidrobiología y Pesquería** de **CINDY MELISSA MENDOZA LOZANO**.

Luego de dar lectura y conformidad al expediente N° UNMSM-20220017041, la titulando expuso su tesis: **“IDENTIFICACIÓN MORFOLÓGICA Y MOLECULAR PARA DECÁPODOS DE LA FAMILIA PORCELLANIDAE (ANOMURA: GALATHEOIDEA) COLECTADOS EN EL INTERMAREAL Y SUBMAREAL PERUANO”**, y el Jurado efectuó las preguntas del caso calificando la exposición con la nota **18**, calificativo: **Aprobado con mención honrosa**.

Finalmente, el expediente será enviado a la Escuela Profesional de Ciencias Biológicas y al Consejo de Facultad para que se apruebe otorgar el **Título Profesional de Bióloga con mención en Hidrobiología y Pesquería** a **CINDY MELISSA MENDOZA LOZANO** y se eleve lo actuado al Rectorado para conferir el respectivo título, conforme a ley.

Siendo las 18:00 horas se levantó la sesión.

Ciudad Universitaria, 29 de agosto de 2022.

Dr. RICARDO BRITZKE
(PRESIDENTE)

Dr. JORGE RAMIREZ MALAVER
(ASESOR)

Mg. JUAN ARGUELLES TORRES
(MIEMBRO)

Mg. GIOVANNA SOTIL CAYCHO
(MIEMBRO)



UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
(Universidad del Perú, DECANA DE AMÉRICA)
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

INFORME DE EVALUACION DE ORIGINALIDAD

ESCUELA PROFESIONAL : CIENCIAS BIOLÓGICAS
DIRECTOR DE LA ESCUELA PROFESIONAL : Mag. RAFAEL SIMÓN OSWALDO LA ROSA LOLI
OPERADOR DEL PROGRAMA INFORMATICO DE SIMILITUDES: Feedback Studio

DOCUMENTO EVALUADO* : **Identificación morfológica y molecular para decápodos de la familia Porcellanidae (Anomura: Galattheoidea) colectados en el intermareal y submareal peruano**

AUTOR DEL DOCUMENTO** : MENDOZA LOZANO CINDY MELISSA

FECHA DE RECEPCIÓN DEL DOCUMENTO : 15/julio/2022

FECHA DE APLICACIÓN DEL SISTEMA INFORMATICO : 16/julio/2022

SOFTWARE UTILIZADO :
TURNITIN (X)
ITHENTICATE ()
OTRO

CONFIGURACION DEL PROGRAMA DE SIMILITUDES

Excluye textos entrecomillados (X)
Excluye bibliografía (X)
Excluye cadenas menores a 40 palabras (X)
Otro criterio () (especificar)

PORCENTAJE DE SIMILITUDES *** : CUATRO (04%)

FUENTES ORIGINALES DE LAS SIMILITUDES ENCONTRADAS **** :

Identificación morfológica y molecular para decápodos de la familia Porcellanidae (Anomura: Galattheoidea) colectados en el intermareal y submareal peruano

INFORME DE ORIGINALIDAD

4%	3%	2%	0%
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	huatulco.umar.mx Fuente de Internet	1 %
2	hdl.handle.net Fuente de Internet	1 %
3	biblioimarpe.imarpe.gob.pe:8080 Fuente de Internet	<1 %

OBSERVACIONES: Ninguna

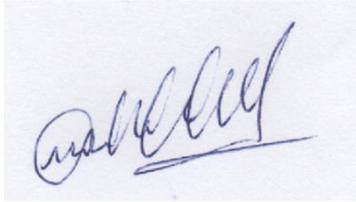
CALIFICACION DE ORIGINALIDAD:

Documento cumple criterios de originalidad sin observaciones (x)

Documento cumple criterios de originalidad con observaciones ()

Documento no cumple criterios de originalidad ()

FECHA DEL INFORME : 16/julio/2022



FIRMA DEL EVALUADOR



Firmado digitalmente por LA ROSA
LOLI Rafael Simon Oswaldo FAU
20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 18.07.2022 15:44:29 -05:00

FIRMA DEL DIRECTOR EP

* Tesis para grado o título de pregrado

** Apellidos y nombres completos

*** En letras y números

**** Indicarlas en orden decreciente y su respectivo porcentaje

AGRADECIMIENTOS

A mis asesores, Dr. Jorge Ramírez y Dra. Daniela Núñez, por su guía y apoyo incondicional durante tantos días y horas.

Al proyecto Fondecyt 363-2019 “Los arrecifes rocosos del norte de Perú: Estudiando y conservando la ictiofauna a través de ADN barcode” y a la Asociación para la Conservación de Ambientes Marinos y Costeros, por el financiamiento de este proyecto.

A mi maestro Marco Retamal (Q.E.P.D), quien en poco tiempo fue capaz de brindarme conocimientos tan valiosos en taxonomía y carcinología, y por acogerme cordialmente en su ambiente de estudio.

Al Blgo. Yuri Hooker, por permitirme revisar su colección de porcelánidos. A la Dra. Eliana Zelada y al proyecto PEMAR “Catalogando la biodiversidad marina del Perú, código de barras de ADN para el estudio, conservación y uso sostenible de los recursos” (Fondecyt 023-2016). A la Blga. Patricia Ayón por su contribución en material biológico. Su contribución hizo posible la realización de esta tesis.

A César Córdova por sus enseñanzas durante y después de la carrera y su amistad incondicional.

Al Laboratorio de Ecología Trófica del Instituto del Mar del Perú, especialmente a Rosario Cisneros, quién me introdujo al estudio de los porcelánidos.

A mis profesores de la Facultad de Ciencias Biológicas y a mis maestros a lo largo de la carrera, especialmente a aquellos que con su ejemplo me han motivado a mejorar como profesional y ser humano.

A mis amigos y amigas de carrera y vida por su apoyo y compañía.

A la educación pública.

DEDICATORIA

A mi madre, Carmen, por sus tarjetas silábicas y las tardes de lectura. A mi abuelo, Luis, viejo lobo de mar que con su ejemplo me enseñó a soñar. A mis hermanos, Christian y Daniel, por motivarme a seguir adelante.

RESUMEN

Los porcelánidos son una familia muy diversa entre los decápodos, comprendiendo alrededor de 280 especies en el mundo, de las cuales, 9.29% de esta biodiversidad se registra en Perú. Pese a su distribución cosmopolita, la literatura y bases de datos con una cobertura taxonómica y molecular adecuada son escasas. Para esta investigación se examinaron individuos colectados en 11 localidades del país, durante el período del 2000 al 2021. Posteriormente, se extrajo tejido muscular de los individuos colectados y se obtuvieron las secuencias del gen mitocondrial citocromo C oxidasa subunidad I (*COI*). Las secuencias obtenidas se analizaron empleando tres métodos: *Neighbor joining*, *barcode gap* y delimitación de especies usando un solo locus. Con base en el análisis morfológico y la literatura existente, se identificaron 14 especies y nueve géneros de Porcellanidae. La obtención de secuencias y el análisis de la variación en el gen mitocondrial *COI*, solo fue posible en 13 ejemplares correspondientes a ocho especies. La divergencia interespecífica mínima promedio fue de 0.127 frente a una divergencia intraespecífica máxima promedio de 0.096. Entre los especímenes colectados se reportaron tres especies tropicales nuevas para el país. Además, se identificó al grupo *Petrolisthes* aff. *desmarestii*, cuya morfología y distribución tropical, lo diferencian de *Petrolisthes desmarestii* (Guérin, 1835). Asimismo, se presenta un análisis preliminar de las relaciones filogenéticas entre algunos de los géneros más representativos del Pacífico Este.

Palabras clave: Porcellanidae, códigos de barras de ADN, Taxonomía, Delimitación de especies.

ABSTRACT

Porcelain crabs are a highly diverse family among decapods, comprising around 280 species worldwide, of which 9.29% of this biodiversity is registered in Peru. Although having a cosmopolitan distribution, literature and databases with appropriate taxonomic and molecular coverage are scarce. For this investigation, we analyzed specimens collected from 11 localities during the period from 2000 to 2021. Then we extracted muscular tissue from collected specimens and obtained the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) sequences. Obtained sequences were analyzed employing three approaches: Neighbor joining, barcode gap, and single-locus species delimitation.

Based on the morphological analysis and extant literature, we identified 14 species and nine genera of Porcellanidae. The obtention and variation of the *COI* sequence only was possible in 13 specimens corresponding to eight species. Mean minimum interspecific variation was 0.127, while mean maximum variation within species was 0.096. Among collected specimens, we report three new tropical species for the country. Besides, we identified the group *Petrolisthes* aff. *desmarestii*, which morphology and tropical distribution, set it apart from *Petrolisthes desmarestii* (Guérin, 1835). In addition, we present a preliminary analysis of the phylogenetic relationships between some of the most representative genera of Eastern Porcellanidae.

Keywords: Porcellanidae, DNA barcode, Taxonomy, Species delimitation.

Índice General

Índice General	7
I. Introducción	13
II. Marco Teórico	15
2.1. Taxonomía del grupo.....	15
2.2. Los códigos de barras de ADN.....	16
2.3. Códigos de barras de ADN aplicados a crustáceos.....	16
III. Objetivos	18
3.1. Objetivo general.....	18
3.2. Objetivos específicos.....	18
IV. Materiales y métodos	19
4.1. Materiales.....	19
4.1.1. Material Biológico.....	19
4.2. Métodos.....	19
4.2.1. Identificación Morfológica.....	19
4.2.2. Generación del Código de Barras Genético.....	20
4.2.2.1. Extracción del ADN.....	20
4.2.2.2. Amplificación del gen <i>COI</i>	20
4.2.2.3. Electroforesis.....	21
4.2.2.4. Purificación y Secuenciamiento.....	21
4.2.2.5. Obtención de secuencias.....	21
4.2.3. Análisis de secuencias.....	22
V. Resultados	24
5.1. Identificación Morfológica.....	24
5.1.1. Sinopsis Taxonómica del material estudiado.....	24
5.1.2. Taxonomía.....	24
5.1.2.1. <i>Allopetrolisthes angulosus</i> (Guérin, 1835).....	25
5.1.2.2. <i>Allopetrolisthes punctatus</i> (Guérin, 1835).....	26
5.1.2.3. <i>Allopetrolisthes spinifrons</i> (H Milne Edwards, 1837).....	27
5.1.2.4. <i>Euceramus transversilineatus</i> . Stimpson 1860.....	28
5.1.2.5. <i>Heteroporcellana corbicola</i> (Haig, 1960).....	29
5.1.2.6. <i>Minyocerus kirki</i> Glassell, 1938.....	30
5.1.2.7. <i>Ortochela pumila</i> Glassell, 1938.....	31

5.1.2.8.	<i>Pachycheles crinimanus</i> Haig, 1960	32
5.1.2.9.	<i>Pachycheles spinidactylus</i> Haig, 1957	32
5.1.2.10.	<i>Petrolisthes armatus</i> (Gibbes, 1850)	33
5.1.2.11.	<i>Petrolisthes desmarestii</i> (Guerin, 1835).....	34
5.1.2.12.	<i>Petrolisthes</i> aff. <i>desmarestii</i> (Guerin, 1835)	35
5.1.2.13.	<i>Pisidia magdalenensis</i> (Glassell, 1936).....	36
5.2.	Generación del código de barras de ADN	36
5.2.1.	Extracción y amplificación del ADN.....	36
5.2.2.	Análisis de secuencias	36
5.2.2.1.	Barcoding Gap.....	36
5.1.1.1.	Delimitación de especies	43
VI.	Discusión	46
VII.	Conclusiones	50
VIII.	Recomendaciones	51
IX.	Referencias Bibliográficas	52
ANEXOS.	58

Índice de tablas

Tabla 1	Lista de los puntos de colecta.....	19
Tabla 2	Iniciadores empleados en la amplificación del mitogenoma correspondiente al <i>gen COI</i>	20
Tabla 3	Porcentaje de ácidos nucleicos contenido según género y conjunto de secuencias.....	37
Tabla 4	Listado de especímenes por grupo para <i>P. sayana</i> , <i>P. galathinus</i> y <i>P. armatus</i>	37
Tabla 5	Distancias intraMOTUs medias y máximas K2P-correctadas y distancias interMOTUs mínimas K2P correctadas para el conjunto de secuencias >500 pb.....	38
Tabla 6	Distancias intraMOTUs medias y máximas K2P-correctadas y distancias interMOTUs mínimas K2P correctadas para el conjunto de secuencias >100 pb.....	39

Índice de figuras

- Figura 1 Árbol de distancias NJ con distancias genéticas estimadas con el modelo Kimura-2 parámetros, obtenido a partir de las secuencias >500 pb. Al lado del nombre de los especímenes se muestra el número de ejemplares analizados. Los triángulos indican la cantidad (altura) divergencia (ancho) de los ejemplares analizados. Se indican los valores de *bootstrap* basados en 5000 réplicas.....40
- Figura 2 Árbol de distancias NJ con distancias genéticas estimadas con el modelo Kimura-2 parámetros, obtenido a partir de las secuencias >100 pb. Al lado del nombre de los especímenes se muestra el número de ejemplares analizados. Los triángulos indican la cantidad (altura) divergencia (ancho) de los ejemplares analizados, las líneas señalan distancias intraespecíficas igual a cero. Se indican los valores de *bootstrap* basados en 5000 réplicas..... 41
- Figura 3 Distribución de *frecuencias para* 22 MOTUs obtenidos a partir del conjunto de secuencias >500 pb (arriba) y para 26 MOTUs obtenidos a partir del conjunto >100 pb (abajo).42Árbol bayesiano mostrando el agrupamiento de los MOTUs obtenido a partir del análisis de delimitación de especies, para el conjunto de secuencias >500 pb.....42
- Figura 4 Árbol bayesiano mostrando el agrupamiento de los MOTUs obtenido a partir del análisis de delimitación de especies, para el conjunto de secuencias >500 pb. En el caso de *P. galathinus* y *P. sayana* se indica el país de procedencia del ejemplar.44
- Figura 5 Árbol bayesiano mostrando el agrupamiento de los MOTUs obtenido a partir del análisis de delimitación de especies, para el conjunto de secuencias >100 pb. En el caso de *P. galathinus* y *P. armatus* se indica el país de procedencia del ejemplar.....45

Índice de anexos

Anexo 1	Mapa del área de estudio con puntos de colecta. Mapa creado usando Q-GIS (https://www.qgis.org/es/site/).....	58
Anexo 2	Relación de muestras extraídas en laboratorio con datos de colecta, cuantificación y relación de absorbancia A269/A280. Los ejemplares corresponden a colectas realizadas en mar peruano.....	59
Anexo 3	Relación de secuencias obtenidas a través de la plataforma BOLD (Barcode of Life).....	60
Anexo 4	Distancias interespecíficas K2P-correctadas obtenidas a partir de las secuencias >500 pb. Los valores más altos y bajos se presentan en negrita.....	61
Anexo 5	Distancias interespecíficas K2P-correctadas obtenidas a partir de las secuencias >100 pb. Los valores más altos y bajos se presentan en negrita.....	62
Anexo 6	Mapa de puntos de colecta de <i>Petrolisthes desmarestii</i> . Los puntos rojos corresponden a las colectas del grupo <i>Petrolisthes aff. desmarestii</i> , mientras que el área sombreada corresponde a la distribución de <i>P. desmarestii</i> en el Perú. Mapa creado usando Q-GIS (https://www.qgis.org/es/site/).....	63

Índice de placas

Placa 1	
Figura 1	<i>Allopetrolisthes angulosus</i> (Guérin, 1835).....64
Figura 2	<i>Allopetrolisthes punctatus</i> (Guérin, 1835).....64
Placa 2	
Figura 1	<i>Allopetrolisthes spinifrons</i> (H Milne Edwards, 1837).....66
Figura 2	<i>Euceramus transversilineatus</i> (Lockington, 1878).....66
Placa 3	
Figura 1	<i>Heteroporcellana corbicola</i> Haig, 1978.....68
Figura 2	<i>Minyocerus kirki</i> Glassell, 1938.....68
Placa 4	
Figura 1	<i>Ortochela pumila</i> Glassell, 1936.....70
Figura 2	<i>Pachycheles crinimanus</i> Haig, 1960.....70
Placa 5	
Figura 1	<i>Pachycheles spinidactylus</i> Haig, 1957.....72
Figura 2	<i>Petrolisthes armatus</i> (Gibbes, 1850).....72
Placa 6	
Figura 1	<i>Petrolisthes desmarestii</i> (Guérin, 1835).....74
Placa 7	
Figura 1	<i>Petrolisthes</i> aff. <i>desmarestii</i> (Guérin, 1835).....76
Figura 2	<i>Pisidia magdalenensis</i> (Glassell, 1936).....76

I. Introducción

La familia Porcellanidae es una de las más diversas dentro del infraorden Anomura, estimándose unas 280 especies a nivel mundial (Osawa & McLaughlin, 2010; Osawa & Uyeno, 2013). Este grupo destaca entre las otras familias de anomuros, por el avanzado proceso de carcinización de sus especies, con un morfo muy similar al de un brachyuro con el quinto par de pereiópodos reducidos. Esta familia es uno de los grupos de decápodos más abundantes y comunes del intermareal rocoso y del submareal somero (Emparanza, 2007), habitando tanto en regiones frías, templadas, subtropicales y tropicales. Existen especies donde los individuos viven en solitario protegidos en refugios, así como especies que forman grandes agrupaciones. Se les puede encontrar en grietas, discos de macroalgas, como epibiontes, en corales, así como debajo de rocas (Antezana *et al.*, 1965). Como consecuencia de su disparidad ecológica y diversidad se han realizado extensos trabajos en su taxonomía y sistemática; pudiendo diferenciarse dos regiones de estudio: Atlántico Noroeste (Hiller *et al.*, 2006; Mantelatto *et al.*, 2011; Miranda & Mantelatto, 2016; Rodríguez *et al.*, 2006) y Pacífico Sudeste (Baeza, 2016; Gore & Abele, 1976; Janet Haig, 1960; Hiller *et al.*, 2004; Stillman & Reeb, 2001).

Si bien Porcellanidae es un grupo reconocido como monofilético dentro de Galattheoidea (Ahyong *et al.*, 2010), las relaciones filogenéticas han sido poco estudiadas, siendo su historia taxonómica larga y compleja. Según estudios de morfología larval y filogenia, la familia se divide en dos clados, uno que comprende a los géneros similares a *Porcellana* y otro con géneros cercanos a *Petrolisthes* (Hernández, 1999; Rodríguez *et al.*, 2006). Regularmente, se ha sugerido la existencia de especies crípticas en complejos específicos de amplia distribución, *e.g.* *Petrolisthes galathinus*, *Porcellana sayana* y *Petrolisthes armatus* (Hiller *et al.*, 2006; Mantelatto *et al.*, 2011; Rodríguez *et al.*, 2006).

El género *Petrolisthes* comprende más de 100 especies, con cerca de 50 especies reportadas en el Pacífico Este (Haig, 1960; Osawa & McLaughlin, 2010). Morfológicamente, Haig (1960), divide el género en cinco subgrupos. Entre los que destaca el grupo *P. galathinus* – *P. lamarckii*, caracterizados por presentar dientes y espinas en quelípedos, caparazón, y patas ambulatorias. Stillman & Reeb (2001), usando el marcador molecular 16s ADNr encontraron dos clados dentro de Porcellanidae: “clado espinoso” y “clado liso”. El primero contiene a las especies de la línea morfológica *P. galathinus* – *P. lamarckii*, mientras que el segundo comprende un grupo heterogéneo de especies, entre las que se pueden encontrar los géneros *Allopetrolisthes* y *Liopetrolisthes*. El género *Porcellana*, grupo heterogéneo que llevo a comprender alrededor de 80 especies con poco en común, aparte de tener el segmento basal de

la antena proyectado y en amplio contacto con el margen anterior del caparazón (Haig, 1978; Haig, 1960). Las características morfológicas en larvas muestran a *Porcellana* en un clado junto a los géneros *Polyonyx*, *Minyocerus*, *Euceramus* y *Pisidia* (Hernández, 1999). Mientras que, Rodríguez *et al.* (2006), estudiando la filogenia de *Porcellana* y *Polyonyx*, las ubican como especies hermanas; sugiriendo además la existencia de especies crípticas en la especie *Porcellana sayana*.

Por ello, en búsqueda de aclarar la taxonomía y facilitar la identificación de porcelánidos, se requiere de estudios que combinen por lo menos aspectos morfológicos y moleculares. En este aspecto, los marcadores moleculares han probado ser una herramienta muy eficaz en la identificación de especies, especialmente en casos donde la morfología u otros métodos clásicos resultan ambiguos o fallidos (Hebert *et al.*, 2003, 2004). En cuanto a decápoda, el gen mitocondrial *COI* ha probado ser muy efectivo para la identificación de especies, aportando suficiente resolución taxonómica entre diferentes grupos del orden (Bracken-Grissom *et al.*, 2013; Costa *et al.*, 2007; Radulovici *et al.*, 2009).

El presente trabajo tiene como objetivo identificar ejemplares de la familia Porcellanidae colectados en el intermareal y submareal peruano y asignarles un código de barras que contribuya a la identificación de especies en el país.

II. Marco Teórico

2.1. Taxonomía del grupo

Nuestro grupo de estudio corresponde a la familia Porcellanidae, crustáceos decápodos de la superfamilia Galattheoidea, la cual a su vez se incluye en el infraorden Anomura. Los anomuros como grupo tienen una historia taxonómica muy variable, siendo tanto su nombre como composición muy controvertidos (McLaughlin & Holthuis., 1985). Sus orígenes están muy ligados a la taxonomía clásica de crustáceos, pudiendo rastrearse el uso del término Anomoux por Latreille (1816), para referirse al grupo de decápodos que comprenden las familias Hippidae, Paguridae y Galatheidae. En 1823, Schinz introduce el término Anomala para referirse al grupo y años después Macleay (1838) emplea Anomura, siendo esta última la denominación consensuada, por ser de uso más extendido (McLaughlin & Holthuis., 1985). MacLeay (1838), entiende a los anomuros como macruros cuyo abdomen no presenta apéndices natatorios ni forma una cola para dicho propósito, y que carece de escama móvil en el pedúnculo antenal externo.

En cuanto a la superfamilia Galattheoidea, que agrupa a porcelánidos y langostillas, esta es descrita por Samouelle (1819) como la familia Galatheidae, con los géneros *Galathea* y *Porcellana*. Este último género es descrito por Lamarck (1801), quien destaca el caparazón suborbicular y el quinto par de patas como característica del grupo. Formalmente, Haworth (1825) propone la familia Porcellanidae formada por los géneros *Porcellana* y *Pisidia*; los cuales incluían todas las especies de porcelánidos descritas. Morfológicamente, los porcelánidos presentan forma similar a la de un “cangrejo” con el caparazón bien calcificado. El margen anterior del caparazón se proyecta hacia adelante para formar un pequeño rostro. Los ojos son pigmentados, y en algunos casos las órbitas oculares están muy desarrolladas. Segmento basal de la anténula amplio y en algunos géneros proyectado hacia adelante. La antena está formada por cuatro segmentos, de los cuales tres son móviles. El tercer par de maxilípedos con el isquio amplio y aplanado, sin crista dentata (Osawa & McLaughlin, 2010).

En el Pacífico Este, el estudio de los porcelánidos se inicia con la descripción de *Petrolisthes violaceus* por Guérin (1830) durante la expedición de la corveta *Coquille*. En adelante, diversos estudios reportarían de forma dispersa la fauna de porcelánidos en la costa oeste del Pacífico. Sin embargo; es Haig (1960) quien realiza un estudio completo de la familia, detallando las especies descritas para el Pacífico Este e introduciendo los géneros *Allopetrolisthes* y *Liopetrolisthes*. La actual sistemática del grupo se apoya en técnicas

moleculares, siendo aceptada la clasificación de Galattheoidea basada en las contribuciones de Martin & Davis, (2001) y especialmente de Ahyong *et al.*, (2010).

2.2. Los códigos de barras de ADN

Un código de barras de ADN se puede entender como una herramienta para la identificación de especies basada en una secuencia génica estándar (Hebert *et al.*, 2003). Análogo, en cierta forma a los códigos de barras que se encontrarían en los productos de un supermercado. Es importante que los códigos empleen regiones genéticas cuya variabilidad intraespecífica sea menor a su variabilidad interespecífica. A esto se le conoce como barcoding gap, y es el concepto fundamental de la aplicación de la decodificación del DNA a la identificación de especies (Meyer & Paulay, 2005). Para esto, es necesario contar con librerías genéticas formadas a partir de secuencias *COI* de especímenes ya identificados por métodos tradicionales. Muchas de las publicaciones en el tema tratan sobre la creación de librerías de barcode para un determinado grupo (Dincă *et al.*, 2011; Ward *et al.*, 2009; Webb *et al.*, 2012). En este ámbito uno de los proyectos más importantes es el International Barcode of Life o iBOL, iniciativa lanzada oficialmente hace una década y que cuenta con la participación de más de 25 países.

Los inicios de esta técnica se remontan a Folmer *et al.*, (1994), donde desarrollan un primer a partir de un fragmento del gen *COI* de *Drosophila yakuba*. Posteriormente, se establece este fragmento como una región estándar compatible con diversos linajes animales y cuyas características responden a las necesidades del barcode (Ballard & Whitlock, 2004). Los resultados fueron favorables en varios taxa; entre los que podemos citar: insectos (Jung *et al.*, 2011), peces (Ward *et al.*, 2005), lepidópteros (Hajibabaei *et al.*, 2006; Hebert *et al.*, 2003), y aves (Hebert *et al.*, 2004). No obstante, y pese a ser apropiado para un amplio espectro animal, el barcoding basado en el gen *cox1* no es adecuado para ciertos grupos como cnidarios o esponjas, debido a sus bajas tasas de divergencia (Huang *et al.*, 2008).

2.3. Códigos de barras de ADN aplicados a crustáceos

En el caso de Crustacea, uno de los primeros estudios realizados corresponde a Page *et al.* (2005) quienes emplean una secuencia de 450 pb en su análisis del complejo *Caridina* (Decapoda: Atyidae). Pese a que utilizan un fragmento *COI* distinto al propuesto en 1994; hacen uso tanto del ADN como de la morfología para identificar especies. Un año después, Lefébure *et al.* (2006) analizan la correlación entre los niveles taxonómicos y las divergencias moleculares en crustáceos, sugiriendo que en crustáceos existe una identidad morfológica y

molecular, llamada especie y que puede ser delimitada. Costa *et al.*, (2007), abarca esta problemática y estudia la capacidad de la región *COI* para identificar especies de crustáceos, incorporando a su estudio categorías taxonómicas distintas y evaluando su desempeño en todas las jerarquías del grupo. Finalmente, concluye que la variación en este fragmento del gen *COI* es efectivo para la identificación de especies, incluso aquellas congénéricas.

Hasta el momento, los estudios realizados en crustáceos se caracterizaban por evaluar un gran número de especies en un amplio rango geográfico, a menudo secuencias de especies provenientes de varias partes del mundo. Radulovici *et al.* (2009) analizan 460 especímenes (80 especies) de malacostracos del estuario y golfo de Saint Lawrence. Como el estudio se sitúa en un área geográfica acotada y con varios ejemplares por cada especie, permite analizar tanto el comportamiento del gen *COI* como barcode, así como la variación intraespecífica. Como resultado obtienen un 95% de ejemplares evaluados agrupados en clústers; además de diferenciación de complejos específicos, reconfirmando la utilidad de los barcodes en la identificación de especies. Resultados similares obtiene da Silva *et al.* (2011) quienes evalúan la divergencia intraespecífica, intragénero, e intrafamiliar de la secuencia del gen *COI* en decápodos. Sus resultados indican que la distancia genética varía entre grupos, evidenciando que los límites o thresholds para determinar especies deben ser evaluados según grupos específicos a los que nuestro estudio apunte. Recientemente, Ramirez *et al.* (2021), aplicaron la técnica del código de barras de ADN combinada con métodos de delimitación de especies para estudiar la diversidad de decápodos peneidos. Los resultados de este estudio avalan la efectividad del uso de los códigos de barras de ADN en el estudio de diversidad oculta, con la acotación de incluir métodos de delimitación de especies no basados en la distancia.

En cuanto a códigos de barras de ADN en Galatheoidea, destaca *Munida*, cuya filogenia y taxonomía es de las primeras en revisarse exhaustivamente (Machordom & Macpherson, 2004; Pérez-Barros *et al.*, 2008). En los últimos años estas investigaciones se ampliaron a otros clados de Galatheidae (Cabezas *et al.*, 2011; Poore & Andreakis, 2012). No obstante, esta tendencia no se observa en Porcellanidae, siendo escasas las investigaciones que generan códigos de barras de ADN (Meyer *et al.*, 2013; Venera-Pontón *et al.*, 2020) o que se enfoquen exclusivamente en el grupo (Haye *et al.*, 2014; Sanghui, 2013; Triandiza & Madduppa, 2018). Al analizar estos trabajos se puede observar una marcada tendencia hacia la investigación de grupos más acotados. Además, es notorio el progreso del *barcode* en estas dos décadas y como su influencia y participación en diversos ámbitos se ha incrementado (Alcantara & Yambot, 2016; da Silva *et al.*, 2011; Dincă *et al.*, 2011; Nzelu *et al.*, 2015; Prosser *et al.*, 2013).

III. Objetivos

3.1. Objetivo general

- Identificar a partir de morfología especímenes de Porcellanidae (Anomura: Galattheoidea) colectados en el intermareal y submareal peruano, y crear códigos de barras útiles para la identificación de especies en el país.

3.2. Objetivos específicos

- Identificar morfológicamente las especies de crustáceos anomuros de la familia Porcellanidae del intermareal y submareal peruano.
- Crear una biblioteca de código de barras a partir de un fragmento del gen *COI* de las especies de crustáceos anomuros de la familia Porcellanidae colectados en el intermareal y submareal peruano y disponibilizarlas en BOLD.
- Evaluar la correspondencia entre las MOTUS obtenidas y los grupos taxonómicos morfológicamente identificados.

IV. Materiales y métodos

4.1. Materiales

4.1.1. Material Biológico

Se emplearon especímenes correspondientes a la colección del laboratorio de Biología Marina de la Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH). Los especímenes fueron colectados en la zona intermareal y submareal mediante buceo SCUBA y colecta manual a lo largo de transectas, en distintas localidades costeras del mar peruano (Anexo 1). En el caso de *Pachycheles* sp., el ejemplar corresponde a una larva colectada durante un muestreo de zooplancton realizado por el Instituto del Mar del Perú (IMARPE) (Tabla 1). Durante la colecta, el material biológico fue conservado en etanol 70% para el estudio morfológico y molecular.

Tabla 1. Lista de los puntos de colecta.

Puntos de Colecta	Departamento	Localidades	Latitud	Longitud	Fecha	Ambiente
1	Tumbes	Acapulco	-3.7064	-80.7878	17/04/2021	Submareal
2	Tumbes	Baja punta sal	-3.8861	-81.0807	06/08/2012	Intermareal
3	Tumbes	Punta Sal	-3.9483	-81.0167	03/12/2006	Submareal
4	Piura	Peña Mala	-4.125	-81.1	02/09/2000	Submareal
5	Piura	Los Órganos	-4.1288	-81.1881	04/08/2012	Submareal
6	Piura	Cabo Blanco	-4.2266	-81.255	04/02/2013	Submareal
7	Piura	Isla Foca	-5.2068	-81.2045	27/02/2013	Submareal
8	Piura	Quebrada Verde	-4.2110	-81.2190	08/06/2017	Submareal
9	La Libertad	Islas Guañape	-8.602	-79.035	09/11/2017	Planctónico
10	Ancón	Balneario Ancón	-11.7494	-77.2076	08/08/2021	Intermareal
11	Ica	Isla Chincha	-13.6333	-76.3833	11/11/2011	Intermareal

4.2. Métodos

4.2.1. Identificación Morfológica

Las muestras fueron separadas visualmente según similitudes y limpiadas para retirar restos orgánicos del exoesqueleto. La morfología externa se analizó según la descripción de Osawa & Chan (2010), apoyándose la identificación en claves morfológicas y taxonomía del grupo (Haig, 1960; Moscoso & Víctor, 2013; Osawa & McLaughlin, 2010). Los especímenes fueron medidos con un vernier con precisión de 0.1mm; tomándose caracteres como el largo del cefalotórax (desde la punta del rostrum hasta el margen posterior mediano) y el punto más ancho del cefalotórax. Estas medidas sirvieron para obtener relaciones morfológicas aplicadas

a la identificación cualitativa de especies y no fueron aplicados análisis morfométricos, por estar fuera del alcance del proyecto. Otros caracteres como el largo y ángulo de los quelípedos, dirección del segmento basal de la antena, forma del rostrum, márgenes laterales del caparazón, espinas y placas del telson, entre otros, fueron considerados. Este análisis está acompañado de fotografías de la muestra y esquemas clave.

4.2.2. Generación del Código de Barras Genético

4.2.2.1.Extracción del ADN.

Los trabajos se llevaron a cabo en el Laboratorio de Bioinformática y Genómica de la Biodiversidad. Se tomaron pequeñas muestras de tejido, provenientes de los pereiópodos de un total de 90 especímenes. Para la extracción de ADN se empleó el Minikit de extracción NucleoSpin DNA Insect (Macherey - Nagel). Se extrajo ADN de 53 ejemplares de la colección, 19 amplificaron, siendo exitosa la secuenciación para 12 ejemplares, con secuencias mayores a 500 pb o mayores a 100 pb. La mejor temperatura de *annealing* para el grupo fue de 51°C, empleando el protocolo de Prosser *et al.*, (2013). Para verificar la calidad del ADN se empleó la razón de absorbancia A260/A280; y se cuantificó la concentración de ADN (ng/μL) y pureza. Una vez realizadas estas pruebas, el ADN se almacenó a -20°C.

4.2.2.2.Amplificación del gen *COI*

Se amplificó un fragmento del gen mitocondrial *COI*, mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Saiki *et al.*, 1988). En algunos ejemplares no fue posible obtener fragmentos de ADN de 658 pb, por encontrarse el ADN degradado. Por lo cual se emplearon distintos sets de iniciadores, enfocados a obtener fragmentos de 658 pb y fragmentos de 130 pb (Tabla 2).

Tabla 2. Iniciadores empleados en la amplificación del mitogenoma correspondiente al gen *COI*.

Iniciador	Dirección de lectura	Secuencia (5'-3')	Fuente
LCO1490	forward	GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG	Folmer <i>et al.</i> , 1994
HCO2198	reverse	TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA	Folmer <i>et al.</i> , 1994
ZplankF1_t1	forward	tgtaaacgacgcccagtTCTASWAATCATAARGATATTGG	Prosser <i>et al.</i> , 2013
ZplankR1_t1	reverse	caggaaacagctatgacTTCAGGRTGRCCRAARAATCA	Prosser <i>et al.</i> , 2013
miniPorR	reverse	ARAAAATYATRACRAADGCRTGNCG	Diseñado en estudio

- Para los fragmentos de mayor longitud (658pb), se emplearon los iniciadores universales LCO-1490 y HCO-2198 (Folmer *et al.*, 1994); así como ZplankF1_t1 y ZplankR1_ (Prosser *et al.*, 2013).
- Para los fragmentos de menor longitud (130 pb) se empleó iniciadores *Minipor*, diseñados durante el proyecto con base en el primer UniminibarR1 (Meusnier *et al.*, 2008) y las secuencias de porcellanidae obtenidas con los primers de mayor tamaño.

Después de la extracción de ADN, se adicionaron 4 µl de ADN a la mezcla de PCR, (volumen final 15 µL, incluyendo el ADN), usando 200 µM dNTPs, 1X PCR buffer, 10 µM de cada primer, 2.5 mM MgCl₂, 5U de Taq polimerasa (*Applied Biological Materials*). La técnica PCR se programó siguiendo los parámetros de un protocolo modificado de Prosser *et al.* (2013). La reacción se inicia con una temperatura de 95°C durante 1 min, seguida de cinco ciclos de [94°C por 40 s, 51°C por 40 s, 72°C por 1 min], luego 35 ciclos de [94°C por 40 s, 51°C por 40 s, 72°C por 1 min], finalmente se realiza un paso de extensión final de 72°C por 5 min.

4.2.2.3. Electroforesis.

Se emplearon geles de agarosa diluida en tampón de electroforesis TAE al 1% (fragmentos de 658pb) y al 2% (fragmentos de 130 pb). Se usaron 3 µL de la muestra amplificada mezclada con 1.0 µL de buffer (azul de bromofenol y xilen xianol); además de controles negativos y un marcador de peso molecular GeneRuler 100 bp ADN Ladder. Para la tinción de ADN se emplearon los colorantes fluorescentes SYBR Safe y Safe-GreenTM, siguiendo las instrucciones del fabricante. Para los fragmentos de mayor tamaño, la fuente de poder para electroforesis se programó a 70 voltios durante 30 min; mientras que para los fragmentos más cortos se emplearon 80 voltios durante 40 min.

4.2.2.4. Purificación y Secuenciamiento

Para la purificación se empleó el kit de perlas magnéticas AmpliClean. Finalmente, el amplicón purificado fue enviado a MacroGen Inc. Korea para su secuenciación.

4.2.2.5. Obtención de secuencias

Para el ensamblaje de los electroferogramas se utilizó el software Codon Code (www.codoncode.com), donde los iniciadores y las ambigüedades se comprobaron manualmente. En el software Bioedit (Hall, 1999) se alinearon las secuencias *forward* y *reverse* usando el alineamiento múltiple Clustal W (Thompson *et al.*, 1994). Como resultado se

obtuvieron dos conjuntos de datos, el primero de >500 pb (9 secuencias) y el segundo de >100 pb (12 secuencias) (Anexo 2).

A las secuencias obtenidas se sumaron 43 secuencias de especies de Porcellanidae de público acceso de la plataforma BOLD (Barcode of Life) y una secuencia adicional de *Pagurus villosus* como grupo externo (Anexo 3). Estas últimas fueron descargadas para esclarecer algunas de las relaciones entre la familia, priorizando especies congénicas o de géneros morfológicamente asociados. Asimismo, en el conjunto de secuencias obtenidas de BOLD, se procuró obtener alrededor de 5 secuencias por especie y que los puntos de colecta fueran diversos dentro de su rango de distribución, pero esto no fue posible en todas las especies. Cada secuencia obtenida en el proyecto fue comparada contra la base de datos BOLD (<http://boldsystems.org/index.php>) por medio de la herramienta BOLD Identification Engine. Esto permitió comparar la similitud de las secuencias obtenidas, con aquellas presentes en la base de datos, así como descartar errores por contaminación.

4.2.3. Análisis de secuencias

Para esta investigación se emplearon los siguientes conjuntos de datos:

- Secuencias obtenidas durante esta investigación (Anexo 2).
- Una secuencia de *Pachycheles* sp. parte del zooplankton colectado cerca a Islas Guañape en La Libertad (-8.602, -79.035) por IMARPE (PMZPK-214).
- Secuencias de porcelánidos y una especie *outgroup* (*Pagurus villosus*) obtenidas del BOLD (Anexo 3).

Para el análisis de distancias genéticas se construyó un árbol de distancia con el método *Neighbor joining* (NJ) en el programa MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) y el análisis de la distancia intra e interespecífica, en los programas MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) y Microsoft Excel (2021), utilizando el modelo de sustitución nucleotídica Kimura-2 parámetros (Kimura, 1980). Se empleó el análisis de *bootstrap* con 5000 réplicas para la evaluación de la topología encontrada. Como grupo externo se empleó una secuencia de *Pagurus villosus*, obtenida a través de la plataforma BOLD (Anexo 3).

Además, se emplearon métodos de delimitación de especies como la implementación bayesiana del modelo de bPTP (“Poisson Tree Processes”) (Zhang *et al.*, 2013), modelo Poisson Tree Processes (PTP), y el modelo generalizado mixto de Yule (GMYC). Para los análisis de delimitación se usó como base un árbol de inferencia bayesiana, para lo cual se

empleó el programa BEAST (Drummond *et al.*, 2012) usando el método de cadenas Markov Montecarlo con 500 millones de generaciones. Las cadenas fueron muestreadas cada 5000 generaciones. El modelo de sustitución nucleotídica (HKY +I+G) se definió usando jModeltest (Posada, 2008). El análisis de inferencia bayesiana se realizó usando el portal CIPRES (Miller *et al.*, 2010). Se empleó el programa Tracer para determinar cuando los árboles muestreados se estabilizaban y eliminar los subóptimos. En el conjunto >100 pb se eliminó el primer 10% de árboles y en el conjunto >500 pb el primer 23% fue descartado como *burn -in*. El “árbol resumen” se obtuvo mediante el programa TreeAnnotator (Bouckaert *et al.*, 2014) y a través de FigTree (Rambaut, 2018) se obtuvo el árbol en formato Newick. El *barcode gap* y los modelos PTP, bPTP, GMYC, así como el consenso fueron calculados a través del pipeline SPdel (<https://github.com/jolobito/SPdel>). Las especies identificadas morfológicamente fueron contrastadas con los MOTUs obtenidos mediante estos modelos.

Las secuencias, así como los metadatos de los especímenes están disponibles en el sitio web BOLD (www.barcodinglife.org) bajo el set de datos INMAR y PMZK. En la base de datos se adjunta información de colecta de los individuos, electroferogramas, iniciadores empleados, secuencias consenso obtenidas, entre otros datos pertinentes.

V. Resultados

Actualmente (marzo 2022), los datos de la plataforma BOLD para la familia Porcellanidae, indican un registro mundial de 2076 especímenes, 1879 con secuencias y un total de 79 especies con códigos de barras genéticos. En este estudio, se presenta registro de 8 especies nominales con secuencias, correspondientes a 7 géneros. Además, se presenta registro morfológico para 5 especies de porcelánidos cuya secuencia no fue posible obtener, pero que por su buen estado de conservación se incluye el registro morfológico.

5.1. Identificación Morfológica

5.1.1. Sinopsis Taxonómica del material estudiado

PHYLLUM ARTHROPODA VON SIEBOLD, 1848

Subphyllum Crustacea Brünnich, 1772

Orden Decapoda Latreille, 1802

Familia Porcellanidae Haworth, 1825

Género *Allopetrolisthes* Haig, 1960

Allopetrolisthes angulosus (Guérin, 1835)

Allopetrolisthes punctatus (Guérin, 1835)

Allopetrolisthes spinifrons (H Milne Edwards, 1837)

Género *Euceramus* Stimpson 1860

Euceramus transversilineatus (Lockington, 1878)

Género *Heteroporcellana* Haig, 1978

Heteroporcellana corbicola (Haig, 1960)

Género *Minyocerus* Glassell, 1938

Minyocerus kirki Glassell, 1938

Género *Pachycheles* Stimpson, 1858

Pachycheles crinimanus Haig, 1960

Pachycheles spinidactylus Haig, 1957

Género *Petrolisthes* Stimpson, 1858

Petrolisthes desmarestii (Guerin, 1835)

Petrolisthes armatus (Gibbes, 1850)

Género *Pisidia* Leach, 1820

Pisidia magdalenensis (Glassell, 1936)

5.1.2. Taxonomía

Familia Porcellanidae Haworth, 1825

Decápodo anomuro con forma similar a la de un pequeño cangrejo. Caparazón ovalado o circular, ligeramente deprimido, liso u ornamentado. Frente compuesta por lóbulos, rostrum prominente pero nunca fuertemente proyectado más allá de los ojos. Ojos pigmentados. Antenas insertadas por delante de los ojos, con tres segmentos móviles y un flagelo. Segmento basal de las anténulas amplio, frecuentemente con el margen anterior o las caras ornamentadas

con espínulas u otras proyecciones; segmentos antenulares restantes cortos. Quelípedos usualmente grandes, anchos y deprimidos; mero corto; carpo elongado; frecuentemente articulación carpo-mano pronunciada. Tres pares de patas ambulatorias bien desarrolladas, el último par de pereiópodos atrofiados, y plexados bajo el caparazón. Abdomen flexionado bajo el caparazón, simétrico, compuesto de siete segmentos. Abanico caudal muy desarrollado, compuesto por el telson y urópodos. Telson formado por cinco o siete placas. Hembras con pleópodos en el segmento 3, 4 y 5; aquellos en el segmento 3 muy reducidos o ausentes. Machos, si presentan pleópodos, ubicados en el segundo segmento y rudimentarios.

Género *Allopetrolisthes* Haig, 1960

Género distribuido en el Pacífico Este. Caracterizado por tener un caparazón redondeado, casi tan largo como ancho. Ocasionalmente con dos lóbulos suplementarios en la frente. Pedúnculos oculares robustos, cortos y retráctiles. Segmento basal de la antena ligeramente proyectado hacia el frente y en estrecho contacto con el ángulo orbital externo, excluyendo los segmentos móviles de la órbita; muy proyectado hacia dentro, y con el lado interno del segmento basal de la anténula formando un margen suborbital completo o casi completo. Segmentos móviles con tubérculos. Segmento basal de la anténula desarrollado, expandido lateralmente, con dos a cuatro lóbulos en el margen anterior y frecuentemente con tubérculos en la cara anterior. Quelípedos grandes, deprimidos y subiguales; carpo más largo que ancho y armado en el margen anterior con un lóbulo angular fuertemente proyectado; dedos largos y delgados. Mero de las patas caminadoras frecuentemente expandido, con crestas en el margen anterior; espinulas móviles en el margen posterior del propodo fuertemente reducidas en número o ausentes, a lo mucho una o dos en la articulación con el dácilo; dácilo muy corto, terminando en una espina simple, espinulas posteriores accesorias móviles muy reducidas en tamaño o completamente ausentes. Telson del abdomen compuesto de cinco placas (Haig, 1960).

5.1.2.1. *Allopetrolisthes angulosus* (Guérin, 1835)

Placa 1, Figura 1

Porcellana angulosa Guérin, 1835

Nombre común: Tijereta, Tijerita.

Diagnosis: Caparazón casi liso sin regiones distintivas; frente trilobulada, lóbulo medio triangular, los laterales estrechos y redondeados; margen orbital casi recto; carpo de las patas

caminadoras con un fuerte lóbulo angular en la mitad proximal del margen anterior. Bandas oscuras muy notorias en los propodios de las patas ambulatorias.

Color: Los especímenes vivos presentan el caparazón de un color lavanda intenso con reticulaciones morado intenso hacia la región branquial. Patas caminadoras de color lavanda intenso con un par de anillos morados y blancos en el propodo.

Distribución geográfica: Desde Paita (Perú) hasta Calbuco e Isla Chiloé (Chile)

Hábitat: Intermareal rocoso, frecuente en el mediolitoral e infralitoral bajo piedras, en especímenes de tunicados (*Pyura*) y en algas (*Ulva* y *Lessonia*) (Haig, 1960).

Hábitat: Intermareal, mediolitoral e infralitoral. De vida libre, debajo de piedras, entre *Ulva* y *Lessonia*, entre conglomerados de poliquetos, entre grietas y conchas vacías (Moscoso, 2012)

Código BOLD: INMAR001-21

5.1.2.2. *Allopetrolisthes punctatus* (Guérin, 1835)

Placa 1, Figura 2

Porcellana punctata Guérin, 1835

Nombre común: Tijereta, Tijerita, shangai, changai.

Diagnosis: Caparazón muy convexo, suave y sin ornamentaciones; frente con tres lóbulos redondeados; órbitas redondeadas y cóncavas; un fuerte lóbulo angular en la mitad proximal del margen anterior del carpo del quelípodo; carpo de las patas caminadoras sin la cresta anterior.

Color: Los ejemplares en alcohol presentan una coloración marrón rojiza en el cefalotórax y quelípedos con puntos de color rojo oscuro. Región gástrica fuertemente cubierta por manchas color café oscuro. Anillos rojo oscuro en los dáctilos de las patas caminadoras.

Distribución geográfica: Desde Ancón (Perú), al sur hasta Talcahuano (Chile) (Haig, 1960).

Hábitat: Especie de litoral, debajo de piedras y entre grietas (Haig, 1960), en conglomerados de poliquetos, en la franja inferior del litoral rocoso expuesto a oleaje (Moscoso, 2012).

Código BOLD: PMINV1227-21

5.1.2.3. *Allopetrolisthes spinifrons* (H Milne Edwards, 1837)

Placa 2, Figura 1

Porcellana spinifrons (H. Milne Edwards, 1837)

Nombre común: Tijereta, Tijerita.

Diagnosis: Caparazón cubierto con gránulos y tubérculos, con regiones distintivas; frente con cinco lóbulos, el mediano triangular, con los laterales estrechos y redondeados, los otros pequeños y bajos; ángulos orbitales cóncavos; carpo con un fuerte lóbulo angular en la mitad proximal del margen anterior, uniéndose a la poción distal del margen casi en ángulo recto.

Color: Los ejemplares preservados en alcohol presentan color naranja intenso con tubérculos de color rojo oscuro en el cefalotórax. Quelípedos naranja brillante con bandas rojo oscuro y blanquecinas en los dedos. Patas ambulatorias naranja brillante con puntos blanquecinos.

Distribución geográfica: Salaverry (Perú) a San Vicente, Concepción (Chile) (Moscoso, 2012).

Hábitat: Litoral, encontrándose bajo piedras y en el rizoide de algas (*Lessonia*) y anémonas (Haig, 1960), también se ha reportado en asociación con estrellas de mar del género *Stichaster* Muller & Troschel, 1840 y *Meyenaster* Verril, 1913.

Código BOLD: PMINV792-20, PMINV866-20, PMINV1091-21, PMINV1092-21, PMINV1093-21.

Género *Euceramus* Stimpson, 1860

Género conformado por tres especies, una en el Atlántico y dos en el Pacífico. Presenta un caparazón transversalmente convexo y notoriamente más largo que ancho, con los márgenes laterales subparalelos. Frente muy estrecha, tridentada y algo proyectada. Órbitas superficiales, con los ángulos externos no proyectados. Pedúnculos oculares esbeltos y retráctiles. Margen hepático con una hendidura, cuyo ángulo exterior está formado por un diente. Posterior a este diente hepático, una espina epibranquial distintiva, ambos separados por una muesca. Segmento basal de la antena ya sea muy corto, sin proyecciones, o proyectado hacia dentro y adelante y en estrecho contacto con el margen anterior del caparazón. Primer y segundo artejo antenal largos, el tercero corto. Segmento basal de la anténula más largo que ancho, con una o más proyecciones fuertes en su margen anterior, y con flecos internamente con largos pelos plumosos. Quelípedos poco desarrollados, carpo subcilíndrico, manos débiles subcilíndricas o algo aplanadas, dedos que se abren verticalmente. Patas caminadoras ligeramente aplanadas; propodo sin espinulas posteriores; dáctilo terminado en una espina simple, espinulas móviles

posteriores suplementarias ausentes o vestigiales. Telson del abdomen más largo que ancho, compuesto de siete placas.

5.1.2.4. *Euceramus transversilineatus*. Stimpson 1860

Placa 2, Figura 2

Porcellana transversilineata Lockington, 1878

Nombre común: Cangrejito porcelánido

Diagnosis: Cefalotórax aproximadamente una vez y media más largo que ancho, con estrías transversas; segmento basal de la antena con una amplia proyección interna y una pequeña proyección hacia adelante que separa los segmentos móviles de la órbita; flagelo sin pelos y más corto que el caparazón.

Color: Los ejemplares conservados en alcohol con el cefalotórax blancuzco, sin patrones distintivos de coloración.

Nuevas Localidades para el Perú: Punta Sal (Tumbes).

Distribución geográfica: Desde Baja California y el Golfo de California (México) hasta el sur de la Isla Taboga (Panamá) (Haig, 1960).

Hábitat: Se le puede encontrar enterrado en fondos arenosos o con conchilla, en la base de gorgonias (Haig, 1960) o asociado con el gasterópodo *Melongena patula* (Góngora-Gómez *et al.*, 2020).

Código BOLD: INMAR027-21, INMAR029-21

Género *Heteroporcellana* Haig, 1978

Caparazón más largo que ancho, sin espinas o tubérculos en su superficie; márgenes laterales sublaterales y sin espinas posterior al ángulo epibranquial. Rostrum tridentado, con el lóbulo central ancho y muy prominente, lóbulos laterales estrechos. Órbitas superficiales y oblicuas, ojos pequeños. Segmento basal de la antena proyectado hacia adelante y en amplio contacto con el margen anterior del caparazón, con los segmentos móviles excluidos de la órbita. Quelípedos subiguales y subcilíndricos, lisos, la quela abre verticalmente. Dáctilo de las patas caminadoras terminado en una espina simple, sin espínulas móviles accesorias. Telson con 5 placas.

5.1.2.5. *Heteroporcellana corbicola* (Haig, 1960)

Placa 3, Figura 1

Porcellana corbicola Haig, 1960

Nombre común: Cangrejito porcelánido

Diagnosis: Caparazón marcadamente más largo que ancho; rostrum con el lóbulo medio ancho y redondeado en la punta, lóbulos laterales estrechos; una espina muy desarrollada en el ángulo epibranquial; carpo alrededor de una vez y media más largo que ancho, margen anterior sin espinas; quelas con apertura vertical; telson con cinco placas.

Color: Los ejemplares conservados en alcohol con el cefalotórax blancuzco, sin patrones distintivos de coloración.

Nuevas Localidades para el Perú: Quebrada Verde, Piura.

Distribución geográfica: Conocido solo para el Golfo de California (México) e Isla Taboguilla (Panamá) (Gore & Abele, 1976).

Hábitat: Asociado a la estrella canasta *Astrocaneum spinosum* y en el coral *Phyllangia dispersa* (Gore & Abele, 1976; Haig, 1960).

Código BOLD: INMAR029-21.

Género *Minyocerus* Glassell, 1938

Género transistmico que contiene dos especies, una en el Pacífico y otra en el Atlántico. Caparazón convexo, más largo que ancho; superficie dorsal ligeramente rugosa más notoria posterior al surco cervical. Frente con tres dientes, el del medio ligeramente más largo que los laterales. Órbitas profundas, ángulo orbital externo fuertemente producido. Pedúnculos oculares robustos y retráctiles. Segmento basal de la antena proyectado hacia adelante y en amplio contacto con el margen anterior del caparazón, fuertemente producido hacia adentro formando un margen suborbital parcial. Artejos móviles de la antena, extremadamente reducidos y poco visibles a simple vista. Segmento basal de la anténula más largo que ancho, el margen anterior con dientes visibles en vista dorsal. Quelípedos ligeramente desiguales, esbeltos en las hembras, robustos y distintivamente desiguales en los machos, siendo la quela derecha más larga que la izquierda, carpo corto y robusto, palmas largas y estrechas con márgenes subparalelos, con abertura oblicua. Patas ambulatorias aplanadas, sin espínulas móviles posteriores en el propodo, dactilo terminando en espina simple, sin espínulas móviles accesorias en el margen posterior. Telson ligeramente alargado, formado por siete placas (Haig, 1960).

5.1.2.6. *Minyocerus kirki* Glassell, 1938

Placa 3, Figura 2

Nombre común: Cangrejo porcelánido

Diagnosis: Cefalotórax alrededor de 1/3 más largo que ancho, con estrías transversales; frente compuesta con tres lóbulos aproximadamente de igual longitud y ancho; antena muy pequeña con un flagelo rudimentario, poco visible sin tinción; carpo del quelipedo con una espina muy notoria en el centro del margen anterior, frecuentemente seguida de espinulas.

Color: Los especímenes preservados en alcohol, poseen el caparazón amarillo, reticulado con rojo formando una raya longitudinal, amplia que se continua hasta el abdomen.

Quelípedos de tinte amarillo con bandas reticuladas rojizas. Región branquial densamente moteada con rojo, área cardíaca e intestinal blanquecina.

Nuevas Localidades para el Perú: Acapulco, Tumbes.

Distribución geográfica: Pacífico Tropical Este; desde Punta Peñasco y San Felipe, Golfo de California (México) hasta Colombia (Hendrickx & Harvey, 1999; Lizcano Sandoval & Carmona Guerra, 2021; Salas-Moya *et al.*, 2021).

Hábitat: Se encuentra como comensal en distintas especies de ofiuroideos como *Amphipholis platydisca* (Nielsen, 1932), *Ophiothrix spiculata* Le Conte, 1851, y *Ophiolepis grisea* H.L. Clark, 1940, así como estrellas de mar como *Luidia columbia* (Gray, 1840), *L. phragma* Clark, 1910, *L. foliolata* Grube, 1866 (Haig, 1960) y *L. superba*

Código BOLD: INMAR016-21, INMAR017-21.

Género *Ortochela* Glassell, 1936

Caparazón más largo que ancho, liso, con los márgenes laterales subparalelos y armados con una serie de pequeñas espinas agudas posteriores al surco cervical. Frente ancha, casi tanto como el caparazón, formada con tres lóbulos, con los lóbulos laterales dirigidos hacia la parte externa, el central dirigido hacia el frente y muy proyectado. Orbitas dirigidas lateralmente, con los pedúnculos oculares cortos y retráctiles. Segmento basal de la antena no proyectada hacia adentro para encontrarse con el margen anterior del caparazón; con una larga y estrecha proyección dirigida hacia adentro, formando un margen parcial suborbital. Primer artejo poco visible, casi escondido detrás del ángulo orbital externo. Segmento basal de la

anténula amplio y con la cara anterior truncada. Quelípedos muy desarrollados, subcilíndricos, con las palmas continuándose casi rectas en frente del caparazón, dedos que se abren verticalmente y cortos en relación a la quela. Patas ambulatorias esbeltas y aplanadas; propodo con una única espínula móvil en el extremo distal del margen posterior; dácilo terminando en una espina simple, con muchas espínulas accesorias móviles en el margen posterior.

5.1.2.7. *Ortochela pumila* Glassell, 1938

Placa 4, Figura 1

Diagnosis: Caparazón casi una vez y media más largo que ancho; rostrum trunco, casi tan ancho como el caparazón con el lóbulo central muy proyectado; márgenes laterales subparalelos con entre 12 a 15 espínulas posteriores al ángulo epibranquial; quelípedos subcilíndricos, rectos y dirigidos hacia adelante.

Color: El ejemplar preservado en alcohol presenta una coloración.

Distribución geográfica: Desde Bahía Magdalena (México) hasta Punta Sal (Perú).

Hábitat: En aguas de poca profundidad, en gorgonias, asociados en los corales con isópodos y anfípodos (Moscoso, 2012).

Código BOLD: INMAR028-21.

Género *Pachycheles* Stimpson, 1858

Caparazón redondeado o subcuadrado, casi tan ancho como largo. Paredes laterales incompletas, en la porción posterior presenta una o más piezas separadas por interespacios membranosos. Frente trilobada, redondeada y poco prominente. Pedúnculos oculares cortos y robustos, retráctiles. Segmento basal de la antena no proyectado hacia adelante para encontrarse con el margen anterior del caparazón; usualmente algo proyectados hacia adentro para formar un margen suborbital parcial. Segmento basal de la anténula amplio, margen anterior trunco; margen anterior ondeado, en ocasiones armado con una o dos espínulas en el lado interno. Quelípedos gruesos, y robustos, muy desarrollados en relación al cuerpo; usualmente las manos y dedos son diferentes en forma en los dos quelípedos. Patas caminadoras moderadamente largas y un poco aplanadas; propodo con espínulas móviles en el margen posterior y ocasionalmente con algunas pocas espinas fijas. Telson del abdomen compuesto de 5 o 7 placas. En ocasiones los pleópodos masculinos están reducidos en tamaño o completamente ausentes.

5.1.2.8. *Pachycheles crinimanus* Haig, 1960

Placa 4, Figura 2

Nombre común: Cangrejo porcelánido.

Diagnosis: Caparazón ligeramente ensanchado en la parte posterior, con un mechón de pelos plumosos en la frente; borde interno del carpo con dos a cuatro dientes de borde granuloso; quelípedos cubiertos con pequeños gránulos, el quelípodo mayor con un rastro de pelos plumosos en la palma, el quelípodo menor con un corto mechón espeso y con setas dispersas largas, flexibles, y no plumosas; patas caminadoras moderadamente largas y robustas con largos pelos plumosos; telson con siete placas, sin pleópodos en los machos.

Color: Los ejemplares frescos son de color plomizo con la zona anterior del caparazón más oscura; toques de rosa, pardo y violeta en el caparazón y quelípedos, setas y pelos de color verdoso. Patrón de coloración que se mimetiza con el fondo.

Distribución geográfica: Desde Bahía de Sechura (Perú) a Arica (Chile) (Moscoso, 2012).

Hábitat: Intermareal rocoso, en grietas y debajo de piedras. Haig (1960), los reporta en fondos arenosos y rocosos a 10 o más metros de profundidad.

Código BOLD: INMAR018-21, INMAR019-21, INMAR031-22, PMINV209-18, PMINV795-20, PMINV1089-21, PMINV1090-21.

5.1.2.9. *Pachycheles spinidactylus* Haig, 1957

Placa 5, Figura 1

Nombre común: Cangrejo porcelánido

Diagnosis: Caparazón ligeramente más largo que ancho, con la región frontal cubierta con largas setas no plumosas dispersas y casi ausentes en la parte posterior; margen anterior del carpo con tres dientes muy marcados cubiertos de largas setas no plumosas, mitad interior con una serie de crestas transversales, cara externa del carpo con tres hileras de gránulos que pueden estar fusionados entre ellos, una serie de crestas transversales entre estas hileras; palmas cubiertas con pequeños gránulos y largas setas no plumosas en la mitad anterior; patas caminadoras cubiertas con largas setas no plumosas y cortos pelos plumosos; telson con cinco placas en las hembras, desconocido en machos. Segundos pleópodos en los machos.

Color: Los ejemplares conservados en alcohol presentan coloración.

Distribución geográfica: Desde Bahía Santa María, Golfo de California, Baja California e Isla Isabel (México) hasta Cancas (Perú) (Moscoso, 2012).

Hábitat: En fondos rocosos, posiblemente en aguas profundas (Haig, 1960).

Código BOLD: INMAR002-21.

Género *Petrolisthes* Stimpson, 1858

Caparazón redondeado o subcuadrado, usualmente casi tan largo como ancho. Frente triangular o trilobada, frecuentemente prominente y proyectada detrás de los ojos. Pedúnculos oculares cortos y robustos, retráctiles. Segmento basal de la antena no proyectado hacia adelante encontrándose con el margen anterior del caparazón; o no se proyecta hacia adentro, o con una proyección distintiva hacia adentro formando un margen suborbital parcial. Segmento basal de la anténula grande, amplio, en vista dorsal ocasionalmente parcialmente visible más allá de la frente; margen anterior ocasionalmente ondeado, pero más frecuentemente armado con espinas, lóbulos, u otras proyecciones. Quelípedos grande, desiguales en tamaño, carpo variable, desde una vez y media a tres veces tan largo como ancho; manos amplias y aplanadas, superficie dorsal ocasionalmente algo hinchada. Patas ambulatorias de longitud moderada, algo aplanadas, propodo con espínulas móviles en el margen posterior; dácilo terminando en una espina simple, con pequeñas espínulas móviles accesorias en el margen posterior. Telson del abdomen casi invariablemente compuesto de siete placas.

5.1.2.10. *Petrolisthes armatus* (Gibbes, 1850)

Placa 5, Figura 2

Porcellana armata Gibbes, 1850

Petrochirus lamarcki machadoensis Bott, 1964

Petrolisthes armatus var. *pallidus* Verrill, 1908

Petrolisthes iheringi Ortmann, 1897

Petrolisthes similis Henderson, 1888

Porcellana armata Gibbes, 1850

Porcellana digitalis Heller, 1862

Porcellana gundlachii Guérin-Méneville, 1855

Porcellana leporina Heller, 1862

Nombre común: Cangrejo porcelánido.

Diagnosis: Caparazón granulado y con pliegues; una sola espina epibranquial presente, usualmente obsoleta; frente triangular; carpo dos a dos veces y media más largo que ancho, margen anterior con tres dientes anchos y bajos, un cuarto ocasionalmente presente; manos

más largas que esbeltas; mero de las patas ambulatorias con una hilera de espinas en el margen anterior, las de las patas 1 y 2 rotan en el ángulo postero-distal.

Color: Los ejemplares preservados en alcohol presentan coloración crema en el caparazón y Pereiópodos, sin otro patrón de coloración.

Distribución geográfica: Pacífico Este: Desde el Golfo de California (México) hasta Bahía Independencia (Perú) e Islas Galápagos. Atlántico Oeste: Desde el este de Florida (EE. UU) hasta Santa Catarina (Brasil) y Bermudas. Atlántico Este: Senegal a Angola e Isla Ascensión (Haig, 1960).

Hábitat: En el intermareal en diversos refugios como bajo piedras, en camas de ostiones y mejillones, en manglares, corales y esponjas (Haig, 1960).

Código BOLD: PMINV787-20, PMINV788-20.

5.1.2.11. *Petrolisthes desmarestii* (Guerin, 1835)

Placa 6, Figura 1

Porcellana acanthophora Lucas, 1844

Porcellana desmarestii Guérin, 1835

Porcellana dubia Kinahan, 1857

Nombre común: Cangrejo porcelánido.

Diagnosis: Caparazón ovalado, cubierto con finos pliegues; una sola espina epibranchial; rostrum triangular; carpo alrededor de dos veces más largos que anchos, margen anterior del carpo con 4 a 6 dientes anchos en la base y agudos en el extremo; quelípedo cubierto con una serie de tubérculos aplanados; margen anterior del mero de las patas caminadoras con una hilera de espinas.

Color: Los ejemplares preservados en alcohol presentan una fuerte coloración rojo burdeo con puntos amarillos en la región branquial.

Distribución geográfica: Desde Isla Lobos de Tierra (Perú) hasta el sur de Coronel (Chile) (Moscoso, 2012).

Hábitat: En orillas rocosas, en bancos de choros o debajo de piedras, hasta una profundidad de 36m (Méndez & Aguilar, 1977)

Código BOLD: PMINV608-20, PMINV609-20, PMINV863-20, PMINV864-20, PMINV858-20.

5.1.2.12. *Petrolisthes aff. desmarestii* (Guerin, 1835)

Placa 7, Figura 1

Diagnosis: Caparazón ovalado, cubierto con finos pliegues; una sola espina epibranquial; rostrum triangular con el extremo romo; carpo más largo que ancho con 3 a 4 dientes anchos margen anterior del carpo; quelípedo cubierto con una serie de tubérculos aplanados; margen anterior del mero de las patas caminadoras con una hilera de espinas.

Color: Los ejemplares preservados en alcohol presentan una fuerte coloración rojo burdeo con puntos amarillos en la región branquial.

Nuevas Localidades para el Perú: Baja Punta Sal, plataforma La Cruz (Tumbes), Cabo Blanco (Piura).

Hábitat: Esta especie se encontró en el intermareal, bajo rocas.

Código BOLD: INMAR003-21, INMAR004-21, PMINV859-20, PMINV860-20, PMINV861-20.

Género *Pisidia* Leach, 1820

Caparazón casi tan largo como ancho, o ligeramente más largo. Márgenes laterales con espínulas o fuertes espinas posterior al surco cervical. Frente prominente, fuertemente tridentada o trilobada. Pedúnculos oculares cortos y robustos, retráctiles. Segmento basal de la antena fuertemente proyectado hacia adentro, formando un margen suborbital parcial; proyectado hacia adelante y en amplio contacto con el margen anterior del caparazón, con los segmentos móviles excluidos de la órbita. Segmento basal de la anténula con varias espínulas en el margen anterior. Quelípedos grandes, robustos, subiguales. Dedos de una o ambas manos retorcidos fuera de plano con la mano. Propodo de las patas caminadoras con espínulas en el margen posterior; dátilo terminando en una espina simple, margen posterior con varias espínulas móviles accesorias.

5.1.2.13. *Pisidia magdalenensis* (Glassell, 1936)

Placa 7, Figura 2

Porcellana magdalenensis Glassell, 1936

Diagnosis: Caparazón con espínulas en el margen lateral y orbital; frente con tres lóbulos redondeados espinulados en los márgenes; carpo con el margen anterior sinuoso, espinulados; dedos de los quelípedos mayores rectos; dedos de los quelípedos menores muy abiertos, dáctilo fuertemente curvado y torcido.

Color: En ejemplares preservados en alcohol no se aprecia un patrón de coloración, presentándose el caparazón y pereiópodos de color crema.

Distribución geográfica: Baja California Sur y Golfo de California (México) a Tumbes (Perú).

Hábitat: En el intermareal, debajo de rocas; en sustratos arenosos, de conchuela, rocosos, en fango, en gorgónidas, corales y vegetación (Haig, 1960).

Código BOLD: INMAR002-21.

5.2. Generación del código de barras de ADN

5.2.1. Extracción y amplificación del ADN.

5.2.2. Análisis de secuencias

5.2.2.1. Barcoding Gap

Las secuencias obtenidas durante esta investigación obtuvieron un alto porcentaje de correspondencia cuando fueron comparadas en la plataforma BOLD (>98.05% identificación nucleotídica). La frecuencia nucleotídica se caracterizó por un elevado contenido de A-T para el conjunto de datos >500 pb (A: 27.2% - T: 35.7%) y >100 pb (A: 28.1% - T: 33.2%). No se presentó mucha variación en las frecuencias nucleotídicas entre géneros (Tabla 3). En ambos conjuntos de datos, se observó alta divergencia intraespecífica en especies como *P. sayana*, *P. armatus* y *P. galathinus*, las MOTUs se detallan en la Tabla 4.

Tabla 3. Porcentaje de ácidos nucleicos contenido según género y conjunto de secuencias.

Género	Conjunto	%A	%T	%G	%C
Allopetrolisthes	>500 pb	27.3	34.5	19.8	18.4
	>100 pb	27.2	34.5	22.6	15.7
Euceramus	>500 pb	28.5	36.6	18.8	16.1
	>100 pb	31.7	32.2	21.2	15.0
Heteroporcellana	>100 pb	33.9	30.7	21.3	14.2
Megalobrachium	>500 pb	26.6	35.8	18.8	18.8
	>100 pb	29.8	32.0	21.3	17.0
Minyocerus	>500 pb	25.7	36.1	19.5	18.8
	>100 pb	28.2	32.2	22.8	16.8
Ortochela	>100 pb	30.3	27.0	18.9	23.8
Pachycheles	>500 pb	28.4	35.1	19.0	17.6
	>100 pb	29.4	33.0	22.4	15.2
Petrolisthes	>500 pb	27.1	34.4	19.7	18.8
	>100 pb	26.2	33.6	22.6	17.7
Porcellana	>500 pb	23.9	36.2	20.2	19.6
	>100 pb	25.9	36.5	19.7	17.9
Total	>500 pb	27.2	35.7	19.1	18.1
	>100 pb	28.1	33.2	22.2	16.5

Tabla 4. Listado de especímenes por grupo para *P. sayana*, *P. galathinus* y *P. armatus*.

Grupo	Especímen
<i>Porcellana sayana</i> 1	<i>P. sayana</i> GBCMD28263-19
<i>Porcellana sayana</i> 2	<i>P. sayana</i> GBCMD31317-19
<i>Petrolisthes galathinus</i> 1	<i>P. galathinus</i> ABBAG198-12
	<i>P. galathinus</i> ABBAG266-12
<i>Petrolisthes galathinus</i> 2	<i>P. galathinus</i> FPMAR091-08
<i>Petrolisthes galathinus</i> 3	<i>P. galathinus</i> GBCMD28262-19
	<i>P. armatus</i> ABBAG029-12
<i>Petrolisthes armatus</i> 1	<i>P. armatus</i> ABBAG101-12
	<i>P. armatus</i> FLTWO233-14
	<i>P. armatus</i> GBCMD26048-19
<i>Petrolisthes armatus</i> 2	<i>P. armatus</i> GBCMD26155-19
<i>Petrolisthes armatus</i> 3	<i>P. armatus</i> GBCMD26178-19
	<i>P. galathinus</i> FPMAR122-08

En las secuencias de mayor longitud (<500 pb), la divergencia intraespecífica osciló entre 0 y 0.035, encontrándose entre los valores más bajos en *A. spinifrons* (0), y *P. tuberculosus* (0). Los valores más altos se presentaron en la especie *P. armatus* (0.035) y *M. roseum* (0.019). Por otro lado, los valores más bajos de distancia interespecífica se encontraron entre los especímenes de *P. sayana* (0.048), mientras que los valores más altos se encontraron en la pareja *P. sayana* 2 y *P. aff. desmarestii* (0.340) (Tabla 5).

Tabla 5. Distancias intraMOTUs medias y máximas K2P-corregidas y distancias interMOTUs mínimas K2P corregidas para el conjunto de secuencias >500 pb.

MOTU	Nombre	Media Intraespecífica	Máxima Intraespecífica	Vecino Más Cercano (NN)	Distancia A NN
MOTU 1	<i>A. angulosus</i>	0.365857	0.54946	<i>A. spinifrons</i>	15.17381
MOTU 10	<i>Pachycheles</i> sp.	NaN	NaN	<i>P. chilensis</i>	5.75748
MOTU 11	<i>P. spinidactylus</i>	NaN	NaN	<i>P. crinimanus</i>	12.39247
MOTU 12	<i>P. tuerkayi</i>	0.329473	0.54946	<i>P. crinimanus</i>	15.84896
MOTU 13	<i>P. aff.</i> <i>desmarestii</i>	1.38335	1.38335	<i>P. armatus</i>	21.72844
MOTU 14	<i>P. granulatus</i>	NaN	NaN	<i>P. crinimanus</i>	16.91451
MOTU 15	<i>P. tuberculatus</i>	0	0	<i>A. spinifrons</i>	15.3935
MOTU 16	<i>P. violaceus</i>	NaN	NaN	<i>P. crinimanus</i>	14.25431
MOTU 17	<i>P. galathinus</i> 1	0.5487	0.5487	<i>P. galathinus</i> 3	8.30712
MOTU 18	<i>P. galathinus</i> 2	NaN	NaN	<i>P. galathinus</i> 3	7.33184
MOTU 19	<i>P. galathinus</i> 3	NaN	NaN	<i>P. galathinus</i> 2	7.33184
MOTU 2	<i>A. spinifrons</i>	0	0	<i>P. violaceus</i>	14.32735
MOTU 20	<i>P. sayana</i> 1	NaN	NaN	<i>P. sayana</i> 2	4.75349
MOTU 21	<i>P. sayana</i> 2	NaN	NaN	<i>P. sayana</i> 1	4.75349
MOTU 22	<i>P. armatus</i>	2.134737	3.57993	<i>P. galathinus</i> 3	16.89492
MOTU 3	<i>E. praelongus</i>	0.73286	0.73286	<i>P. crinimanus</i>	15.03762
MOTU 4	<i>M. roseum</i>	1.480487	1.8555	<i>P. violaceus</i>	17.82145
MOTU 5	<i>M. kirki</i>	0.36563	0.36563	<i>E. praelongus</i>	20.45048
MOTU 6	<i>P. chacei</i>	0.611627	0.73396	<i>P. chilensis</i>	14.04397
MOTU 7	<i>P. chilensis</i>	0.18248	0.18248	<i>Pachycheles</i> sp.	5.75748
MOTU 8	<i>P. crinimanus</i>	1.240283	1.72837	<i>P. chilensis</i>	9.76604
MOTU 9	<i>P. cristobalensis</i>	0.764887	1.28783	<i>P. violaceus</i>	15.99364

Mientras que en las secuencias de menor longitud (>100 pb) la divergencia intraespecífica fluctuó entre 0 y 0.028, encontrándose valores de 0 en 6 MOTUs. Los valores más altos se encontraron en *P. armatus* 3 (0.028) y *P. aff. desmarestii* (0.027). Los valores más bajos de divergencia entre especies se encontraron entre *P. armatus* 3 y *P. armatus* 1 (0.027); mientras que los valores más altos se presentaron entre *P. armatus* 1, *P. armatus* 3 y *P. aff. desmarestii* (0.35) (Tabla 6).

Tabla 6. Distancias intraMOTUs medias y máximas K2P-corregidas y distancias interMOTUs mínimas K2P corregidas para el conjunto de secuencias >100 pb.

MOTU	Nombre	Media Intraespecífica	Máxima Intraespecífica	Vecino más Cercano (NN)	Distancia A NN
MOTU 1	<i>A. angulosus</i>	0.000000	0.000000	<i>P. violaceus</i>	10.06259
MOTU 10	<i>P. chilensis</i>	0.000000	0.000000	<i>Pachycheles</i> sp.	4.93358
MOTU 11	<i>P. crinimanus</i>	0.904003	1.36063	<i>P. chilensis</i>	7.04213
MOTU 12	<i>P. cristobalensis</i>	0.337270	0.67454	<i>P. spinidactylus</i>	12.46305
MOTU 13	<i>Pachycheles</i> sp.	NaN	NaN	<i>P. chilensis</i>	4.93358
MOTU 14	<i>P. spinidactylus</i>	NaN	NaN	<i>P. crinimanus</i>	10.16129
MOTU 15	<i>P. tuerkayi</i>	0.405414	0.67569	<i>P. galathinus</i> 3	12.42803
MOTU 16	<i>P. aff. desmarestii</i>	2.743810	2.74381	<i>P. armatus</i> 1	16.73916
MOTU 17	<i>P. granulatus</i>	NaN	NaN	<i>Pachycheles</i> sp.	16.55406
MOTU 18	<i>P. tuberculatus</i>	0.000000	0.000000	<i>A. spinifrons</i>	12.71563
MOTU 19	<i>P. violaceus</i>	NaN	NaN	<i>A. angulosus</i>	10.06259
MOTU 2	<i>A. spinifrons</i>	0.000000	0.000000	<i>P. violaceus</i>	12.55954
MOTU 20	<i>P. sayana</i>	1.626160	1.62616	<i>E. praelongus</i>	14.12677
MOTU 21	<i>P. galathinus</i> 2	NaN	NaN	<i>P. galathinus</i> 3	5.61389
MOTU 22	<i>P. galathinus</i> 1	1.354830	1.35483	<i>P. galathinus</i> 3	4.90241
MOTU 23	<i>P. galathinus</i> 3	NaN	NaN	<i>P. galathinus</i> 1	4.90241
MOTU 24	<i>P. armatus</i> 1	0.337270	0.67454	<i>P. armatus</i> 3	2.74381
MOTU 25	<i>P. armatus</i> 2	NaN	NaN	<i>P. armatus</i> 3	3.45304
MOTU 26	<i>P. armatus</i> 3	2.759320	2.75932	<i>p. armatus</i> 1	2.74381
MOTU 3	<i>E. praelongus</i>	0.000000	0.000000	<i>P. crinimanus</i>	9.30583
MOTU 4	<i>E. transversilineatus</i>	NaN	NaN	<i>H. corbicola</i>	8.35943
MOTU 5	<i>H. corbicola</i>	NaN	NaN	<i>E. transversilineatus</i>	8.35943
MOTU 6	<i>M. roseum</i>	1.363800	2.05508	<i>P. crinimanus</i>	11.58978
MOTU 7	<i>M. kirki</i>	0.000000	0.000000	<i>M. roseum</i>	16.47943
MOTU 8	<i>O. pumila</i>	NaN	NaN	<i>P. galathinus</i>	17.45998
MOTU 9	<i>P. Chacei</i>	0.907063	1.36063	<i>E. praelongus</i>	11.59131

El análisis de distancia *Neighbor joining* no presentó sobreposición de especies y fue capaz de asignar cada espécimen dentro del grupo formado por su especie nominal, a excepción de espécimen de *P. galathinus* (FPMAR122-08) que se mantuvo dentro del grupo *P. armatus*. En el conjunto >500 pb, se evidenció la agrupación de las secuencias correspondientes a una especie nominal en clados soportados por valores de *bootstrap* de 100 % (Figura 1). Mientras que las secuencias >100 pb, se agruparon en clados soportados por valores de *bootstrap* en un rango de 99 a 100 % (Figura 2).

Las frecuencias de las distancias genéticas (Figura 3), permiten observar un pequeño *barcode gap* o brecha entre la distancia interespecífica e intraespecífica, que es más evidente en el conjunto de secuencias >500 pb. Incluso, las especies que presentaron los valores más

bajos de distancia interespecífica (*P. sayana*, *P. galathinus*, *Pachycheles* sp., *P. chilensis*), no llegan a superponerse con los valores de distancia intraespecífica.

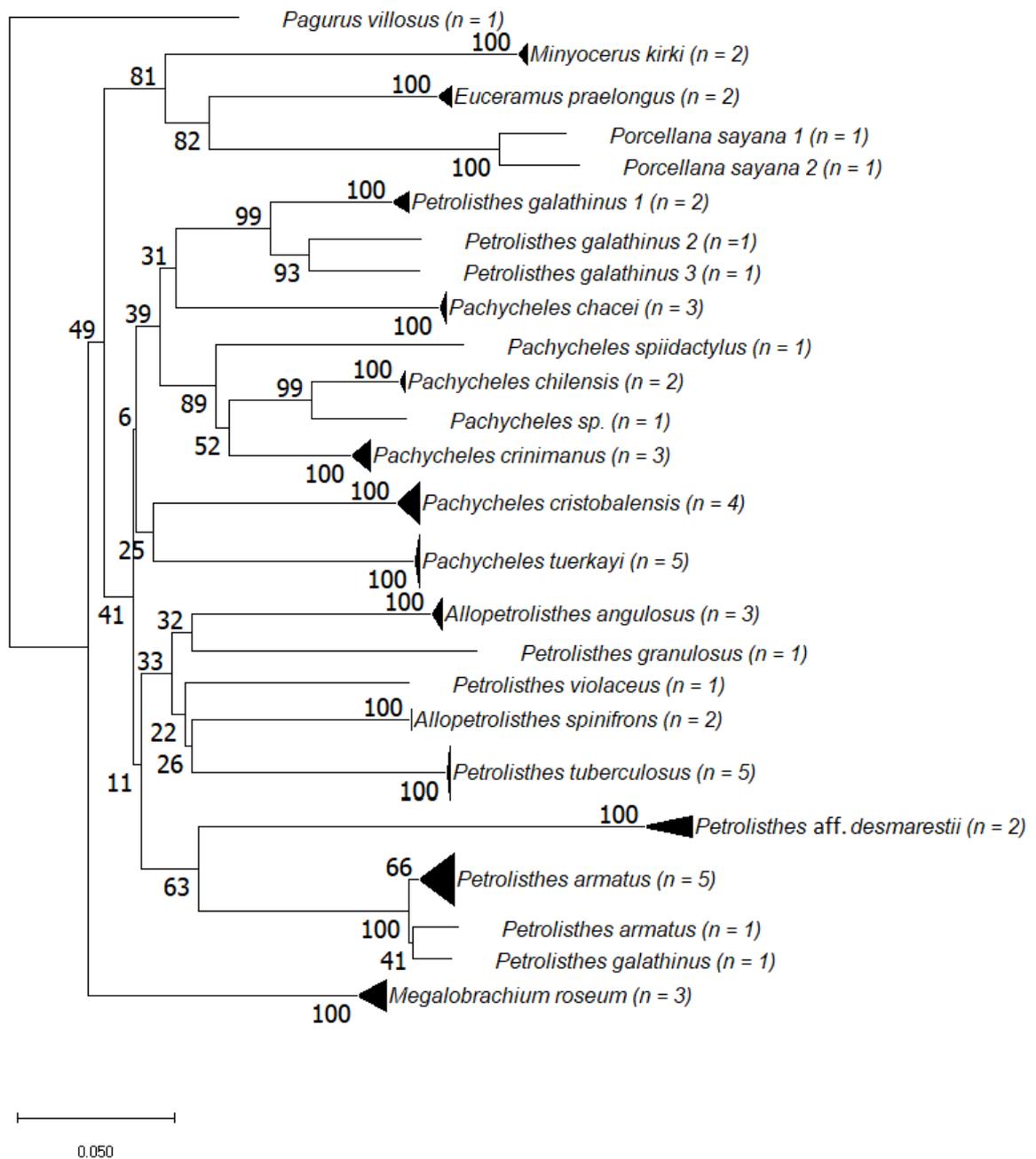


Figura 1. Árbol de distancias NJ con distancias genéticas estimadas con el modelo Kimura-2 parámetros, obtenido a partir de las secuencias >500 pb. Al lado del nombre de los especímenes se muestra el número de ejemplares analizados. Los triángulos indican la cantidad (altura) divergencia (ancho) de los ejemplares analizados. Se indican los valores de *bootstrap* basados en 5000 réplicas.

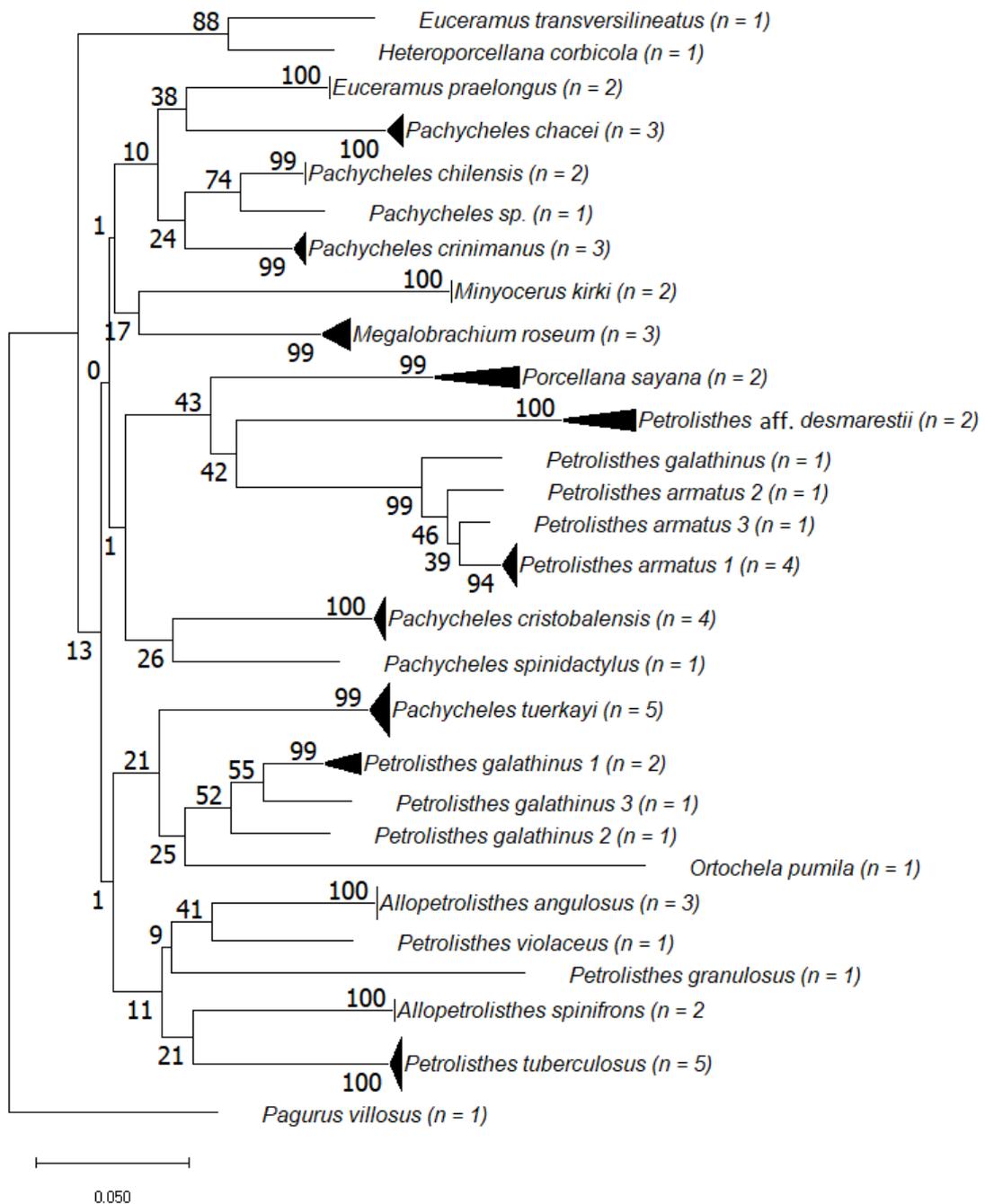


Figura 2. Árbol de distancias NJ con distancias genéticas estimadas con el modelo Kimura-2 parámetros, obtenido a partir de las secuencias >100 pb. Al lado del nombre de los especímenes se muestra el número de ejemplares analizados. Los triángulos indican la cantidad (altura) divergencia (ancho) de los ejemplares analizados, las líneas señalan distancias intraespecíficas igual a cero. Se indican los valores de bootstrap basados en 5000 réplicas.

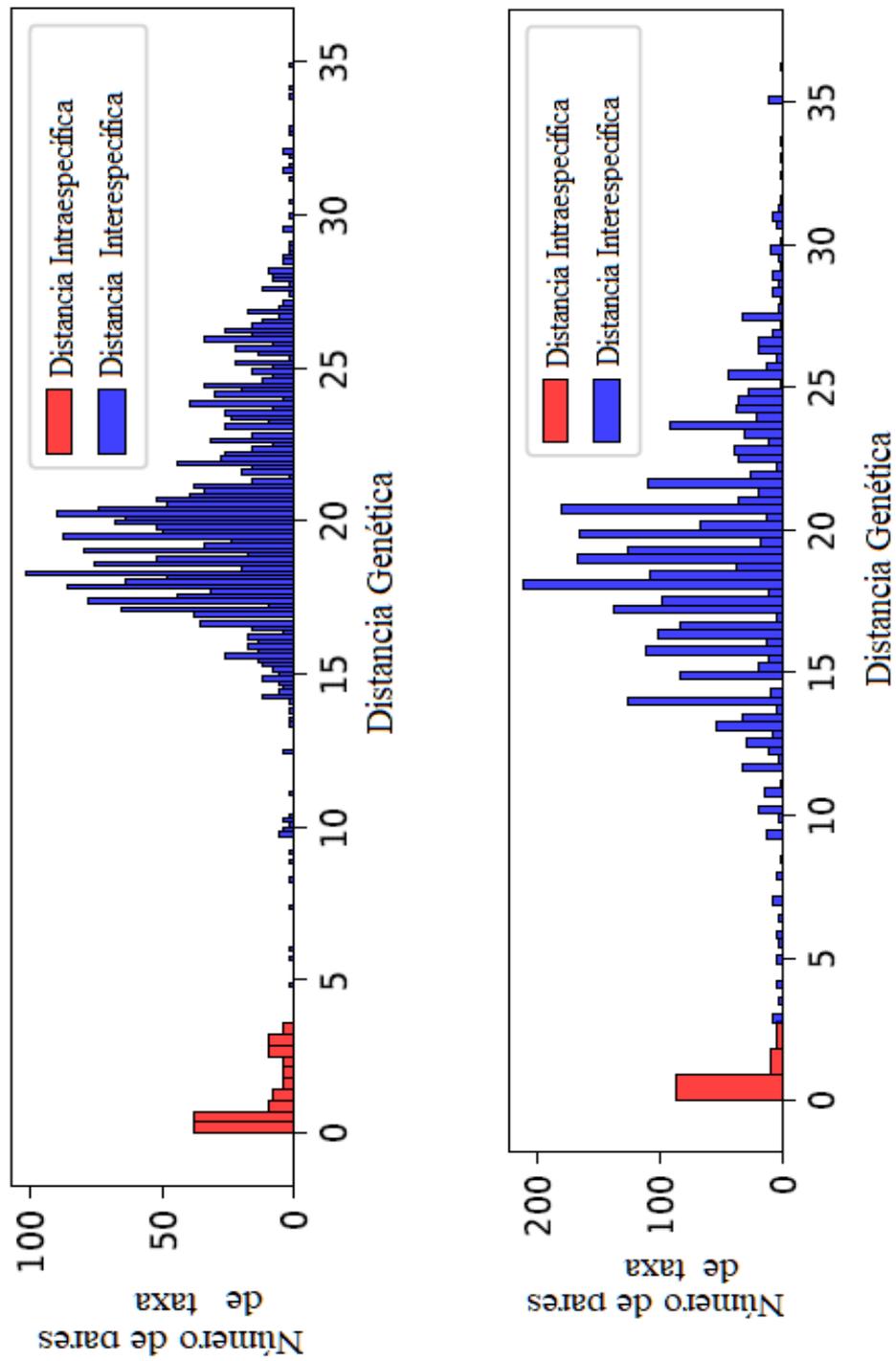


Figura 3. Distribución de frecuencias para 22 MOTUs obtenidos a partir del conjunto de secuencias >500 pb (arriba) y para 26 MOTUs obtenidos a partir del conjunto >100 pb (abajo).

5.1.1.1. Delimitación de especies

El análisis de delimitación de especies sobre 19 especies nominales en las secuencias >500 pb mostró la presencia de 22 MOTUs para los análisis PTP y bPTP y 24 para el GMYC. En los modelos PTP y bPTP, 17 especies nominales correspondieron a una MOTU y las especies *P. sayana* y *P. galathinus* formaron dos y tres MOTUs, respectivamente. En el modelo GMYC, 16 especies nominales correspondieron a una MOTU, mientras que *P. sayana* formó dos MOTUs y las especies *P. galathinus* y *P. armatus* formaron tres MOTUs cada una. El consenso generado para los tres análisis diferenció 22 MOTUs, considerando dos MOTUs para la especie *P. sayana* y tres MOTUs para la especie *P. galathinus* (Figura 4).

En las secuencias >100pb, el análisis de delimitación de especies sobre 22 especies nominales diferenció 26 MOTUs para los análisis PTP, bPTP, GMYC y consenso. En todos los modelos, el espécimen de *P. armatus* (Camerún) y *P. galathinus* (EE.UU) formaron una MOTU. Los especímenes restantes de *P. armatus* formaron dos MOTUs: *P. armatus* (Brasil) y *P. armatus* (EE.UU, México, Panamá). Los ejemplares restantes de *P. galathinus* formaron tres MOTUs: *P. galathinus* (EE.UU), *P. galathinus* (Brasil) y *P. galathinus* (Panamá) (**¡Error! No se encuentra el origen de la referencia.**).

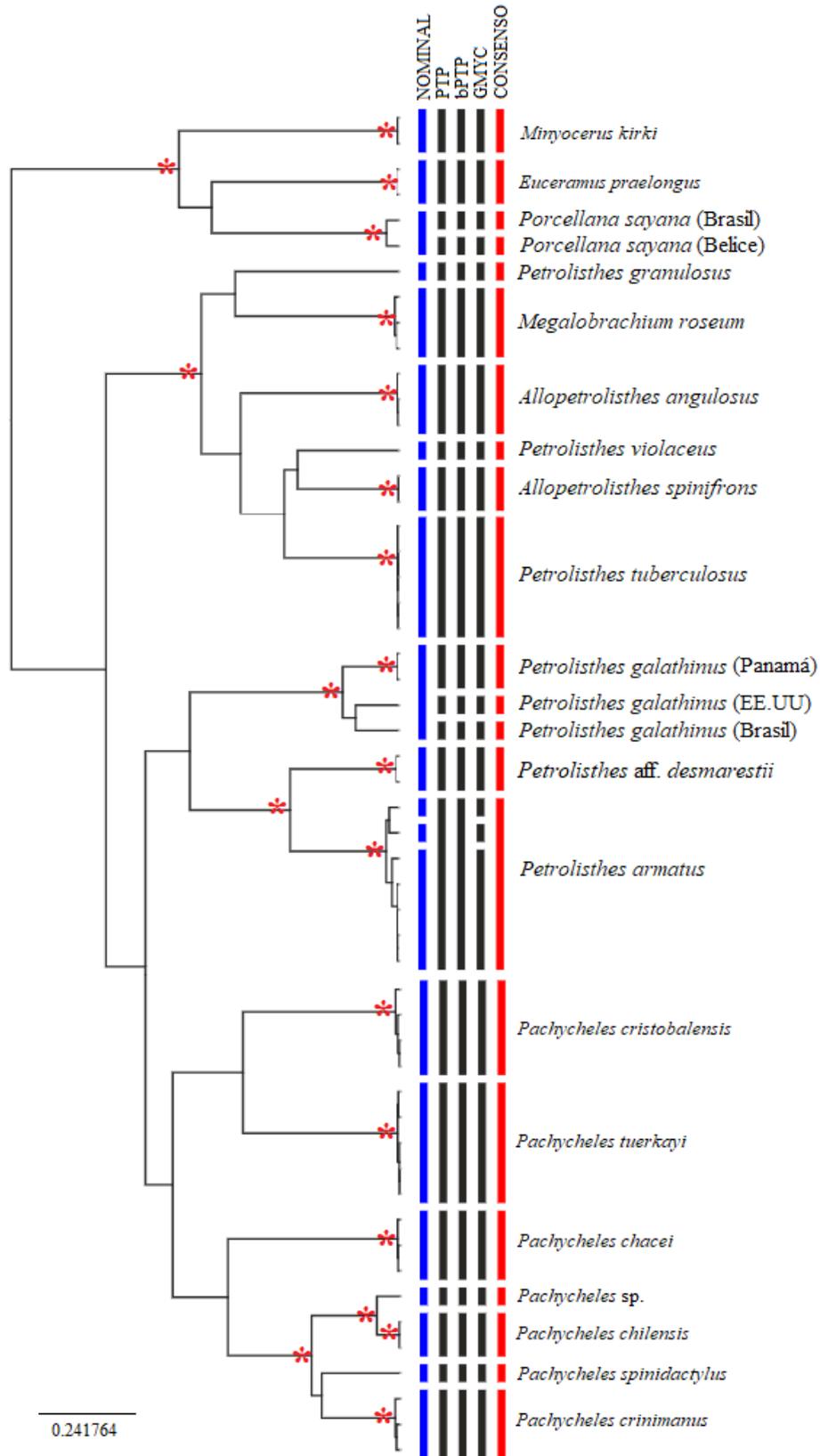


Figura 4. Árbol bayesiano mostrando el agrupamiento de los MOTUs obtenido a partir del análisis de delimitación de especies, para el conjunto de secuencias >500 pb. En el caso de *P. galathinus* y *P. sayana* se indica el país de procedencia del ejemplar

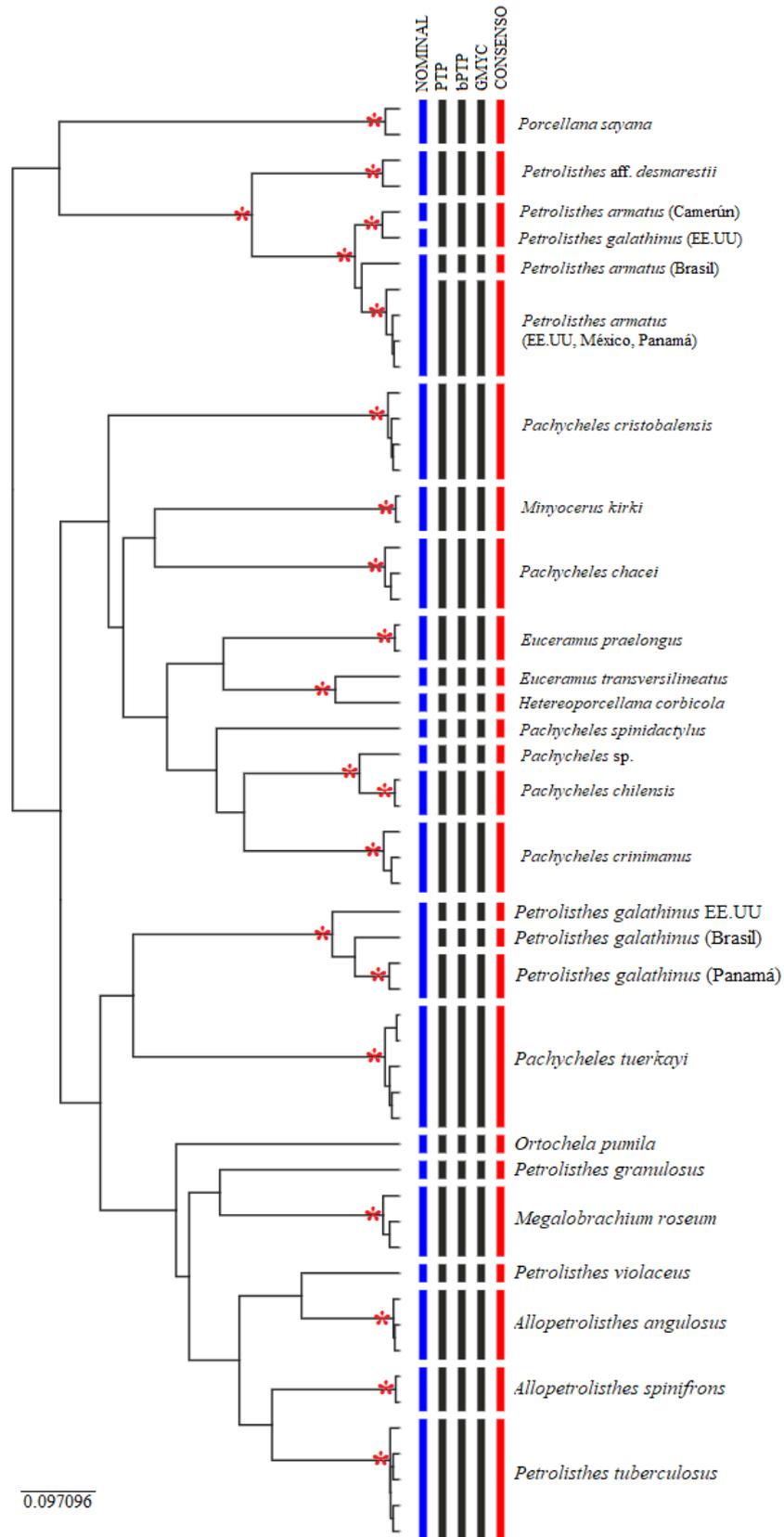


Figura 5. Árbol bayesiano mostrando el agrupamiento de los MOTUs obtenido a partir del análisis de delimitación de especies, para el conjunto de secuencias >100 pb. En el caso de *P. galathinus* y *P. armatus* se indica el país de procedencia del ejemplar.

VI. Discusión

Esta investigación representa un importante avance en la creación de librerías genéticas para el estudio de decápodos, presentándose los primeros códigos de barras para alrededor del 34% de porcelánidos del país, incluyendo aquellos del mar tropical. Además, se provee información morfológica actualizada para las 12 especies analizadas, siendo 3 nuevos registros para el país, *Minyocerus kirki*, *Euceramus transversilineatus* y *Heteroporcellana corbicola*.

El rendimiento de la extracción fue baja en los ejemplares muestreados, pese a haberse implementado diversos protocolos para mejorar la eficiencia del kit empleado. Por otro lado, durante las rondas de amplificación, no se tuvo éxito en el total de los especímenes y en solo 6.6% de los ejemplares se obtuvo secuencias mayores a 500pb. Si bien la antigüedad de las muestras es un factor a considerar – hasta 20 años (Anexo 2) – debe tenerse en cuenta los procesos de conservación de los ejemplares. Los crustáceos son susceptibles a una rápida degradación después de su muerte debido a su alto contenido de aminoácidos libres y compuestos nitrogenados (Anacleto *et al.*, 2011). Un protocolo de colecta y preservación que mejoró los resultados de extracción en nuevas colectas fue la combinación de alcohol y refrigeración, por lo menos durante las primeras 24 horas luego de colectado el ejemplar.

Los análisis de distancias genéticas realizados en ambos conjuntos de datos mostraron bajas distancias intraespecíficas y alta divergencia entre especies, con excepción de los especímenes de *P. sayana*, *P. galathinus* y *P. armatus*. En el conjunto >500 pb el valor medio de las máximas distancias intraespecíficas fue 0.0096 y el valor promedio de la mínima distancia interespecífica 0.127. La falta de solapamiento entre la máxima distancia intraespecífica y la mínima distancia interespecífica muestra la presencia de un *barcoding gap*, con resultados similares a lo reportado en Porcellanidae por Sanghui (2013). Si bien en el conjunto >100 pb se obtuvo distancias intraespecíficas iguales a cero, esto se puede atribuir a la longitud de la secuencia y a que las muestras hayan sido colectadas en una sola región. Los agrupamientos de secuencias a nivel de especie en ambos conjuntos de datos fueron similares y soportados por altos valores de *bootstrap*. Los métodos de delimitación de especies empleados en los especímenes colectados demostraron una alta congruencia entre la identificación basada en las secuencias con la identificación morfológicamente asignada.

Pese a que *P. aff. desmarestii*, coincide con los caracteres diagnósticos de *P. desmarestii*, existen sutiles diferencias morfológicas que no son consideradas en la literatura existente. Además, la distribución tropical de *P. aff. desmarestii*, es atípica y no es congruente con la biogeografía de *P. desmarestii* especie endémica del Mar Frío de la Corriente de

Humboldt (Haig, 1960; Moscoso, 2012) (Anexo 6). Cabe destacar, que, por su morfología y distribución, los ejemplares de *P. aff. desmarestii*, se asemejan a *P. edwardsii* (Saussure), tal como lo reporta Haig (1960), pero se distinguen levemente de la redescrición de la especie dada por Hiller & Werding (2007). Por las diferencias morfológicas y la distribución podríamos estar hablando de una ampliación de rango de *P. edwardsii* o de especies crípticas, fenómeno que no es ajeno a *Petrolisthes*. El estudio de un posible cripticismo en esta especie, requiere de un muestreo dirigido que abarque diversos puntos a lo largo de su distribución, y un estudio detallado de su morfología y coloración de ejemplares vivos, razones por las cuales no será abordado en este trabajo. Al realizar la identificación de las secuencias en la plataforma BOLD, no se encontraron registros públicos o privados distintos de los publicados por el proyecto.

En el caso de *P. armatus*, los agrupamientos fueron soportados por altos valores de *bootstrap* en ambos conjuntos de datos (99 y 100), con altos valores de divergencia intraespecífica (0.0358). Al respecto, Mantelatto *et al.* (2011) y Stillman & Reeb (2001), estudiaron el grupo con el fin de determinar si era un complejo de especies, obteniéndose que se trata de una sola especie con amplia distribución. La divergencia intraespecífica fue baja; sin embargo, debe tenerse en cuenta que ambos autores trabajaron el gen ribosomal 16s ADN_r, el cual tiene una menor tasa de mutación que el gen *COI* aquí usado. De igual manera ambos estudios trabajaron con individuos colectados mayoritariamente en Panamá con Ecuador como límite sur, e incluyendo especímenes de EE. UU y la costa oriental de África. Considerando que *P. armatus*, es la especie de Porcellanidae con la más amplia distribución y con una alta plasticidad fenotípica, podríamos estar hablando de un grupo con fuerte estructura poblacional.

Los especímenes de *P. galathinus* formaron MOTUs con patrones que podrían corresponder a su biogeografía (Pacífico Este, Atlántico Este y Atlántico Oeste). Teniendo en cuenta su amplia distribución, Hiller *et al.* (2006) estudiaron el cripticismo en el complejo *P. galathinus*, encontrando al menos 6 especies morfológicamente similares diagnosticables por el color. Por su morfología y filogenia, estas especies de *Petrolisthes* (*P. desmarestii*, *P. armatus* y *P. galathinus*) se incluirían en el clado espinoso del género, caracterizándose sus especímenes por presentar el carpo armado con espinas o dientes (Haig, 1960; Stillman & Reeb, 2001).

En el género *Allopetrolisthes*, tanto en *A. angulosus* como en *A. spinifrons* las agrupaciones estuvieron soportadas por valores óptimos de *bootstrap* (100), estando los valores de divergencia intraespecífica entre los más bajos de la familia. Además, su posición en el

clado “liso” de *Petrolisthes* junto a las especies *P. tuberculosus*, *P. violaceus* y *P. granulosus*, corresponde con lo indicado por Baeza (2016); Bracken-Grissom *et al.* (2013); Stillman & Reeb (2001). Por otro lado, es destacable que la descripción morfológica de *Allopetrolisthes*, así como la de *Liopetrolisthes* frente a la de *Petrolisthes* es una combinación de características compartidas que se alternan, careciendo de caracteres diagnósticos definitivos (Haig, 1960). Por ejemplo, en los tres géneros es posible encontrar 5 placas telsonicas, margen suborbital parcial, frente tridentada, con ligeras diferencias en el segmento basal de la antena. De igual manera, es notable que tanto *Allopetrolisthes* como *Liopetrolisthes* son endémicos del Pacífico Este con un número de especies muy reducido y sin contrapartes transistmicas.

En cuanto al género *Pachycheles*, se obtuvieron secuencias para tres especies: *P. crinimanus*, *P. spinidactylus*, y *Pachycheles* sp., la cual no pudo ser identificada a nivel de especie por encontrarse aún en estadio larval. Miranda & Mantelatto, (2016), en su estudio filogenético del grupo, determinan tanto la monofilia del grupo como la presencia de dos subgrupos (setoso y calvo), con distribución tropical y antitropical, ambos separados por distancias interespecíficas de hasta 0.112. Los resultados del análisis bayesiano no siguen fielmente este patrón, *Pachycheles* se muestra como un clado monofilético pero la separación entre especies tropicales o calvas ya especies antitropicales o setosas no es absoluta. El primer subgrupo está subgrupo formado por las especies setosas (*P. crinimanus*, *P. spinidactylus* y *P. chilensis*) y una calva (*P. chacei*), mientras que el otro subgrupo correspondió a *P. tuerkayi* y *P. cristobalensis*, ambas calvas y de distribución tropical. La distancia entre *Pachycheles* sp. con respecto a *P. chilensis*, podría corresponderse con la de una especie hermana; no obstante, se requiere de una identificación precisa de *Pachycheles* sp. En cuanto a *P. crinimanus*, se formó un solo clado con bajos niveles de distancia intraespecífica, destacando que el muestreo abordó un punto límite de distribución en la costa de Piura y un punto en la costa de Lima. No se encontró secuencias en BOLD para ninguna de las especies del género *Pachycheles* aquí tratadas.

En el conjunto de mayor longitud (>500pb), la posición de los géneros *Porcellana*, *Minyocerus* y *Euceramus* con respecto al grupo *Petrolisthes*, coincide con la separación de clados para Porcellanidae de Hernández (1999) y Rodríguez *et al.* (2006). Por otro lado, esta resolución no se obtuvo en las secuencias de menor longitud, donde tanto los géneros citados como *Heteroporcellana* y *Ortochela* no formaron un clado. Además, *Megalobrachium*, en ambos casos se posicionó en el clado liso de *Petrolisthes*, topología similar a la reportada por (Rodríguez *et al.*, 2006). Para todos los especímenes de los géneros citados los análisis de NJ,

barcode gap y delimitación de especies fueron capaces de discriminar un MOTU para cada especie nominal, con excepción de *P. sayana*. Esta última estuvo representada por especímenes de un amplio rango de distribución (Brasil y Belice). Esta especie se caracteriza no solo por su extendida distribución en el Atlántico, sino también por su plasticidad ecológica, lo cual sumado a su alta divergencia intraespecífica nos hace pensar en una posible especie críptica. Los patrones observados respaldan lo indicado por Haig (1960, 1978), quien advierte la necesidad de un estudio enfocado en las especies del grupo *Porcellana* y afines, ya que muchas de ellas solo tienen como única característica en común el segmento basal de la antena muy desarrollado excluyendo a los segmentos móviles de la órbita (Gore & Abele, 1976; Haig, 1960).

La distribución de los porcelánidos siguió un patrón marcado entre los ejemplares de distribución tropical con límite al sur de Piura y aquellos de aguas templadas al centro y sur del país. Esta misma tendencia se observó en cuanto a la información, especialmente genética, siendo escasos los registros de especies tropicales en las bases de datos. El subregistro sumado a la alta diversidad de porcelánidos tropicales, sugiere un sesgo en cuanto al número de especies reportadas para las costas de Tumbes y Piura.

Finalmente, teniendo en cuenta que todos los agrupamientos a nivel de especie tuvieron un alto soporte de *Bootstrap* (~100), se puede decir que los códigos de barras de ADN combinados con la morfología son efectivos en la identificación de especies, coincidiendo con lo observado en otros galatheoideos (Sanghui, 2013; Triandiza & Madduppa, 2018). Sin embargo, es claro que se deben enriquecer las bases de datos para optimizar su uso tanto en la filogenia del grupo como en identificación de especies. Además, es necesario utilizar más genes en una filogenia multilocus o utilizar nuevas metodologías como RAD-seq.

VII. Conclusiones

- Se obtuvo una alta congruencia entre la identificación morfológica y los códigos de barras de ADN para las 9 especies nominales colectadas, correspondiéndose cada una con una MOTU. Tres de estas especies son nuevos registros para el país.
- Las especies de Porcellanidae analizados para el Pacífico Este correspondieron a 22 MOTUs para las secuencias >500 pb y 26 MOTUs para las secuencias >100 pb. Todas las especies nominales correspondieron con una MOTU, a excepción de las especies *P. sayana*, *P. galathinus* y *P. armatus*.
- Los códigos de barras combinados con el análisis morfológico resultan efectivos en la identificación de muchas especies de la familia Porcellanidae. Los métodos de delimitación de especies evidenciaron la alta eficacia como herramientas complementares a la taxonomía clásica en el estudio filogenético y reconocimiento de especies crípticas.

VIII. Recomendaciones

- Los decápodos son organismos de fácil descomposición, y con un mecanismo de defensa que impide el rápido ingreso de alcohol a los tejidos. Para una mejor preservación del ejemplar, se recomienda inyectar alcohol, acto seguido conservarlo en frío por lo menos las primeras 24 horas de colectado. El método tradicional de conservación en frascos de alcohol puede dar lugar a una mayor descomposición y degradación del ADN.
- Estandarizar protocolos de colecta en decápodos que permitan un mejor aprovechamiento de las muestras en un rango más amplio de estudios. Evitando preservantes y protocolos que puedan afectar la calidad del tejido, minimizando en lo posible el estrés causado al organismo.
- Impulsar la creación de colecciones más diversas en cuanto a invertebrados, que sirvan de apoyo a futuras investigaciones. Enfocándose en preservar no solo el componente físico, sino en generar data que sea preservada en bases de datos globales.

IX. Referencias Bibliográficas

- Ahyong, S. T., Baba, K., MacPherson, E., & Poore, G. C. B. (2010). A new classification of the Galatheoidea (Crustacea: Decapoda: Anomura). *Zootaxa*, 68(2676), 57–68. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.2676.1.4>
- Alcantara, S. G., & Yambot, A. V. (2016). DNA barcoding of commercially important Grouper species (Perciformes, Serranidae) in the Philippines. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 27(6), 3837–3845. <https://doi.org/10.3109/19401736.2014.958672>
- Anacleto, P., Teixeira, B., Marques, P., Pedro, S., Nunes, M. L., & Marques, A. (2011). Shelf-life of cooked edible crab (*Cancer pagurus*) stored under refrigerated conditions. *LWT - Food Science and Technology*, 44, 1376–1382.
- Antezana, T., Fagetti, E., & López, M. T. (1965). Observaciones Bioecológicas en Decápodos comunes de Valparaíso. In *Revista de Biología Marina y Oceanografía* (Vol. 12, Issues 1, 2 y 3, pp. 1–60).
- Baeza, J. A. (2016). Molecular phylogeny of porcelain crabs (Porcellanidae: Petrolisthes and allies) from the south eastern Pacific: The genera *Allopetrolisthes* and *Liopetrolisthes* are not natural entities. *PeerJ*, 2016(3). <https://doi.org/10.7717/peerj.1805>
- Ballard, J. W. O., & Whitlock, M. C. (2004). The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*, 13(4), 729–744. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.02063.x>
- Bouckaert, R., Heled, J., Kühnert, D., Vaughan, T., Wu, C. H., Xie, D., Suchard, M. A., Rambaut, A., & Drummond, A. J. (2014). BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. *PLoS Computational Biology*, 10(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1003537>
- Bracken-Grissom, H. D., Cannon, M. E., Cabezas, P., Feldmann, R. M., Schweitzer, C. E., Ahyong, S. T., Felder, D. L., Lemaitre, R., & Crandall, K. A. (2013). A comprehensive and integrative reconstruction of evolutionary history for Anomura (Crustacea: Decapoda). *BMC Evolutionary Biology*, 13(1). <https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-128>
- Cabezas, P., Macpherson, E., & Machordom, A. (2011). *Allogalatea* (Decapoda: Galatheidae): a monospecific genus of squat lobster? *Zoological Journal of the Linnean Society*, 162(2), 245–270. <https://doi.org/10.1111/j.1096-3642.2010.00681.x>
- Costa, F. O., DeWaard, J. R., Boutillier, J., Ratnasingham, S., Dooh, R. T., Hajibabaei, M., & Hebert, P. D. N. (2007). Biological identifications through DNA barcodes: The case of the Crustacea. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 64(2), 272–295. <https://doi.org/10.1139/F07-008>
- da Silva, J. M., Creer, S., dos Santos, A., Costa, A. C., Cunha, M. R., Costa, F. O., & Carvalho, G. R. (2011). Systematic and evolutionary insights derived from mtDNA *COI* Barcode diversity in the Decapoda (Crustacea: Malacostraca). *PLoS ONE*, 6(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019449>
- Dincă, V., Zakharov, E. V., Hebert, P. D. N., & Vila, R. (2011). Complete DNA barcode reference library for a country's butterfly fauna reveals high performance for temperate Europe. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 278(1704), 347–355. <https://doi.org/10.1098/rspb.2010.1089>
- Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., & Rambaut, A. (2012). Bayesian phylogenetics

- with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*, 29(8), 1969–1973. <https://doi.org/10.1093/molbev/mss075>
- Empananza, E. J. M. (2007). Patterns of distribution of dominant porcelain crabs (Decapoda: Porcellanidae) under boulders in the intertidal of northern Chile. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 87(2), 523–531. <https://doi.org/10.1017/S0025315407053611>
- European Register of Marine Species. (1998). In M. J. Costello, R. White, & C. S. Embrow (Eds.), *European Register of Marine Species*. Publications Scientifiques du M.N.H.N.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294–299. <https://doi.org/10.1071/ZO9660275>
- Góngora-Gómez, A., García-Ulloa, M. I., García-Ulloa, D., García-Ulloa, M., Salgado-Barragán, J., Arzola-González, J. F., & Hernández-Sepúlveda, J. A. (2020). *Euceramus transversilineatus* (Decapoda: Porcellanidae) living in the mantle lobe of the snail *Melongena patula* (Gastropoda: Melongenidae) in the south eastern Gulf of California: Inference of a biological association. *Revista de Biología Marina y Oceanografía*, 55, 250–262. <https://doi.org/10.22370/rbmo.2020.55.3.2589>
- Gore, R. H., & Abele, L. G. (1976). Shallow water porcelain crabs from the Pacific coast of Panamá and adjacent Caribbean waters (Crustacea, Anomura, Porcellanidae). *Smithsonian Contributions to Zoology*, 237, 1–30. <https://doi.org/10.5479/si.00810282.237>
- Haig, J. (1978). Contribution Toward A Revision Of The Porcellanid Genus *Porcellana* Crustacea Decapoda Anomura. *Proceedings of the Biological Society of Washington*, 91(3), 706–714.
- Haig, Janet. (1960). The Porcellanidae (Crustacea Anomura) of the eastern Pacific. *Allan Hancock Pacific Expeditions*, 24, 1–440.
- Hajibabaei, M., Janzen, D. H., Burns, J. M., Hallwachs, W., & Hebert, P. D. N. (2006). DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103(4), 968–971. <https://doi.org/10.1073/pnas.0510466103>
- Hall, T. A. (1999). BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41(41), 95–98.
- Haworth, A. H. (1825). XXIX. A new binary arrangement of the macrurous crustacea. *The Philosophical Magazine*, 65(323), 183–183. <https://doi.org/10.1080/14786442508628417>
- Haye, P. A., Segovia, N. I., Muñoz-Herrera, N. C., Gálvez, F. E., Martínez, A., Meynard, A., Pardo-Gandarillas, M. C., Poulin, E., & Faugeron, S. (2014). Phylogeographic structure in benthic marine invertebrates of the southeast Pacific coast of Chile with differing dispersal potential. *PLoS ONE*, 9(2), 1–15. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0088613>
- 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>

- Hebert, P. D. N., Stoeckle, M. Y., Zemplak, T. S., & Francis, C. M. (2004). Identification of birds through DNA barcodes. *PLoS Biology*, 2(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020312>
- Hernández, G. (1999). Morfología larvaria de cangrejos anomuros de la Familia Porcellanidae Haworth, 1825 (Crustacea: Decapoda), con una clave para las zoeas de los géneros del Atlántico occidental. *Ciencia*, 7(3), 244–257.
- Hiller, A., Kraus, H., Almon, M., & Werding, B. (2006). The *Petrolisthes galathinus* complex: Species boundaries based on color pattern, morphology and molecules, and evolutionary interrelationships between this complex and other Porcellanidae (Crustacea: Decapoda: Anomura). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40(2), 547–569. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.03.030>
- Hiller, A., Lázarus, J. F., & Werding, B. (2004). New records and range extensions for porcellanid crabs in the eastern Pacific (Crustacea: Anomura: Porcellanidae). *Contributions to the Study of East Pacific Crustaceans*, 3(1974), 2–12.
- Hiller, A., & Werding, B. (2007). Redescription of *Petrolisthes edwardsii* (de Saussure) and description of a new, sibling species from the eastern Pacific based on different colour, morphology and genetic identity (Crustacea: Anomura: Porcellanidae). *Organisms Diversity and Evolution*, 7(3), 181–194. <https://doi.org/10.1016/j.ode.2006.06.002>
- Huang, D., Meier, R., Todd, P. A., & Chou, L. M. (2008). Slow mitochondrial *COI* sequence evolution at the base of the metazoan tree and its implications for DNA barcoding. *Journal of Molecular Evolution*, 66(2), 167–174. <https://doi.org/10.1007/s00239-008-9069-5>
- Jung, S., Duwal, R. K., & Lee, S. (2011). *COI* barcoding of true bugs (Insecta, Heteroptera). *Molecular Ecology Resources*, 11(2), 266–270. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02945.x>
- Lamarck, J.-B. (1801). Système des animaux sans vertèbres; ou, Tableau général des classes, des classes, des ordes et des genres de ces animaux. In *Oxford University*. Lamarck and Deterville.
- Latreille, P. A. (1816). Les Crustacés, les Arachnides et les Insectes. In G. Cuvier (Ed.), *Le règne animal* (1st ed., pp. 1–653).
- Lefébure, T., Douady, C. J., Gouy, M., & Gibert, J. (2006). Relationship between morphological taxonomy and molecular divergence within Crustacea: Proposal of a molecular threshold to help species delimitation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 40(2), 435–447. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.03.014>
- Machordom, A., & Macpherson, E. (2004). Rapid radiation and cryptic speciation in squat lobsters of the genus *Munida* (Crustacea, Decapoda) and related genera in the South West Pacific: Molecular and morphological evidence. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33(2), 259–279. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2004.06.001>
- Macleay, W. S. (1838). *Illustrations of the Annulosa of South Africa: Being a Portion of the Objects of Natural History Chiefly Collected During an Expedition Into the Interior of South Africa Under the Direction of Dr. Andrew Smith in the Years 1834, 1835 and 1836*. Smith, Elder and Company.
- Mantelatto, F. L., Pileggi, L. G., Miranda, I., & Wehrtmann, I. S. (2011). Does *petrolisthes armatus* (Anomura, Porcellanidae) form a species complex or are we dealing with just

- one widely distributed species? *Zoological Studies*, 50(3), 372–384.
- Martin, J. W., & Davis, G. E. (2001). An Updated Classification of the Recent Crustacea. In *SCIENCE SERIES* (Vol. 39). Natural History Museum of Los Angeles County. [https://doi.org/10.1651/0278-0372\(2003\)023\[0495:br\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1651/0278-0372(2003)023[0495:br]2.0.co;2)
- McLaughlin, P. A., & Holthuis, L. B. (1985). Anomura versus Anomala. *Crustaceana*, 49(2), 204–209. https://www.jstor.org/stable/20104089?seq=5#metadata_info_tab_contents
- Méndez, M., & Aguilar, P. (1977). Notas sobre crustáceos del Mar peruano. V: La familia Porcellanidae (Decapoda, Reptantia, Anomura). *Anales Científicos*, 15((1-4)), 85–108.
- Meusnier, I., Singer, G. A. C., Landry, J.-F., Hickey, D. A., Hebert, P. D. N., & Hajibabaei, M. (2008). A universal DNA mini-barcode for biodiversity analysis. *BMC Genomics*, 9(1), 214. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-9-214>
- Meyer, C. P., & Paulay, G. (2005). DNA barcoding: Error rates based on comprehensive sampling. *PLoS Biology*, 3(12), 1–10. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0030422>
- Meyer, R., Weis, A., & Melzer, R. R. (2013). Decapoda of southern Chile: DNA barcoding and integrative taxonomy with focus on the genera *Acanthocyclus* and *Eurypodius*. In *Integrative taxonomy of decapod crustaceans with traditional and modern methods*. Ludwig-Maximilians-Universität München.
- Miller, M., Pfeiffer, W. T., & Schwartz, T. (2010). Creating the CIPRES Science Gateway for Inference of Large Phylogenetic Trees. In *Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop: 14 Nov 2010* (Vol. 14). <https://doi.org/10.1109/GCE.2010.5676129>
- Miranda, I., & Mantelatto, F. L. (2016). Porcelain crabs of the genera *Pachycheles* Stimpson and *Neopisosoma* Haig (Decapoda:Anomura:Porcellanidae): New premises based on molecular data and comments on phylogenetic relationships in the family. *Invertebrate Systematics*, 30(5), 509–520. <https://doi.org/10.1071/IS16025>
- Moscoso, V. (2012). Catálogo de crustáceos decápodos y estomatópodos del Perú. *Boletín Del Instituto Del Mar Del Perú*, 27(1–2), 1–212. [http://biblioimarpe.imarpe.gob.pe:8080/bitstream/handle/123456789/2190/Boletin 27 1-2.pdf?sequence=1](http://biblioimarpe.imarpe.gob.pe:8080/bitstream/handle/123456789/2190/Boletin%2027%201-2.pdf?sequence=1)
- Nzelu, C., Cáceres, A., Arrunátegui-Jiménez, M., Lañas-Rosas, M., Yañez-Trujillano, H., Luna-Caipe, D., Holguín-Mauricci, C., Katakura, K., Hashiguchi, Y., & Kato, H. (2015). DNA barcoding for identification of sand fly species (Diptera: Psychodidae) from leishmaniasis-endemic areas of Peru. *Acta Tropica*, 145, 30.
- Osawa, M., & McLaughlin, P. A. (2010). Annotated checklist of anomuran decapod crustaceans of the world (exclusive of the Kiwaoidea and families Chirostylidae and Galatheidae of the Galatheaidea) Part II – Porcellanidae. *The Raffles Bulletin of Zoology*, 23, 109–129.
- Osawa, M., & Uyeno, D. (2013). A new subtidal species of the genus *Petrolisthes* Stimpson, 1858 (Crustacea: Decapoda: Porcellanidae) from Okinawa, with an account of species of the genus known from the Ryukyu Islands, southwestern Japan. *Zootaxa*, 3670(3), 329–338. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3670.3.3>
- Page, T. J., Choy, S. C., & Hughes, J. M. (2005). The taxonomic feedback loop: Symbiosis of morphology and molecules. *Biology Letters*, 1(2), 139–142.

<https://doi.org/10.1098/rsbl.2005.0298>

- Pérez-Barros, P., D'Amato, M. E., & Lovrich, G. A. (2008). Taxonomic status of two southern hemisphere sympatric squat lobsters *Munida gregaria* and *M. subrugosa* (Decapoda: Anomura: Galatheididae) challenged by DNA-sequence information. *Zool. J. Linn Soc.*, 421–434.
- Poore, G. C. B., & Andreakis, N. (2012). The Agononida incerta species complex unravelled (Crustacea: Decapoda: Anomura: Munididae). *Zootaxa*, 29(3492), 1–29. <https://doi.org/10.5281/zenodo.211238>
- Posada, D. (2008). jModelTest: phylogenetic model averaging. In *Molecular biology and evolution* (Vol. 25, Issue 7, pp. 1253–1256). <https://doi.org/10.1093/molbev/msn083>
- Prosser, S., Martínez-Arce, A., & Elías-Gutiérrez, M. (2013). A new set of primers for *COI* amplification from freshwater microcrustaceans. *Molecular Ecology Resources*, 13(6), 1151–1155. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12132>
- Radulovici, A. E., Sainte-Marie, B., & Dufresne, F. (2009). DNA barcoding of marine crustaceans from the Estuary and Gulf of St Lawrence: A regional-scale approach. *Molecular Ecology Resources*, 9(SUPPL. 1), 181–187. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02643.x>
- Rambaut, A. (2018). *FigTree* (1.4.4). <https://github.com/rambaut/figtree/releases>
- Ramirez, J. L., Simbine, L., Marques, C. G., Zelada-Mázmela, E., Reyes-Flores, L. E., López, A. S., Gusmão, J., Tavares, C., Galetti, P. M., & Freitas, P. D. (2021). DNA Barcoding of Penaeidae (Decapoda; Crustacea): Non-Distance-Based Species Delimitation of the Most Economically Important Shrimp Family. *Diversity*, 13(10). <https://doi.org/10.3390/d13100460>
- Rodríguez, I. T., Hernández, G., & Felder, D. L. (2006). Phylogenetic relationships among western Atlantic Porcellanidae (Decapoda: Anomura), based on partial sequences of the mitochondrial 16S rRNA gene, with comments on morphology. *Crustacean Research*, 6, 151–166.
- Samouelle, G. (1819). *The Entomologist's Useful Compendium: Or, An Introduction to the Knowledge of British Insects, Comprising the Best Means of Obtaining and Preserving Them, and a Description of the Apparatus Generally Used; Together with the Genera of Linné, and the Modern*. Printed for Thomas Boys, No. 7, Ludgate Hall.
- Sanghui, L. (2013). *A Systematic Study of the Superfamily Galatheoidea (Crustacea : Decapoda : Anomura) from Korea : Taxonomy and DNA Barcoding*.
- Schinz, H. R. (1823). Krebse, Spinnen, Insekten. In Georges Cuvier (Ed.), *Das Thierreich, eingetheilt nach dem Bau der Thiere als Grundlage ihrer Naturgeschichte und der vergleichenden Anatomie von den Herrn Ritter von Cuvier* (pp. 1–932). J.G. Cotta'schen Buchhandlung. <https://www.biodiversitylibrary.org/item/210203#page/5/mode/1up>
- Stillman, J. H., & Reeb, C. A. (2001). Molecular phylogeny of eastern pacific porcelain crabs, genera *Petrolisthes* and *Pachycheles*, based on the mtDNA 16s rDNA sequence: Phylogeographic and systematic implications. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 19(2), 236–245. <https://doi.org/10.1006/mpev.2001.0924>
- Stimpson, W. (1858). *Prodromus descriptionis animalium evertibratum, quae in Expeditione ad Oceanum Pacificum Septentrionalem, a Republica Federata missa, Cadwaladaro*

Ringgold et Johanne Rodgers Ducibus, observavit et descripsit. Pars VII. Crustacea Anomoura. *Proceedings of the Academy of Natural Sciences of Philadelphia*, 229. <https://www.biodiversitylibrary.org/item/183045>

Triandiza, T., & Madduppa, H. (2018). APLIKASI ANALISA MORFOLOGI DAN DNA BARCODING PADA PENENTUAN JENIS KEPITING PORCELAIN (PISIDIA Application of Morphological Analysis and DNA Barcode in Determination of. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 2(2), 81–90.

Venera-Pontón, D. E., Driskel, A. C., Grave, S. De, Felder, D. L., Scioli, J. A., & Collin, R. (2020). Documenting decapod biodiversity in the Caribbean from DNA barcodes generated during field training in taxonomy. *Biodiversity Data Journal*, 8. <https://doi.org/10.3897/BDJ.8.e47333>

Ward, R. D., Hanner, R., & Hebert, P. D. N. (2009). The campaign to DNA barcode all fishes, FISH-BOL. *Journal of Fish Biology*, 74(2), 329–356. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2008.02080.x>

Ward, Robert D., Zemplak, 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>

Webb, J. M., Jacobus, L. M., Funk, D. H., Zhou, X., Kondratieff, B., Geraci, C. J., DeWalt, R. E., Baird, D. J., Richard, B., Phillips, I., & Hebert, P. D. N. (2012). A DNA barcode library for North American ephemeroptera: Progress and prospects. *PLoS ONE*, 7(5), 5–10. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0038063>

ANEXOS

Anexo 1. Mapa del área de estudio con puntos de colecta. Mapa creado usando Q-GIS
(<https://www.qgis.org/es/site/>)



Anexo 2. Relación de muestras extraídas en laboratorio con datos de colecta, cuantificación y relación de absorbancia A269/A280. Los ejemplares corresponden a colectas realizadas en mar peruano.

Código	Nombre	Rendimiento (ng)		Localidad	Región	Latitud	Longitud	Fecha
		A260	A280					
INMAR001-21	<i>Allopetrolisthes punctatus</i>	12.2	1.74	Isla Chincha	Ica	-13.6333	-76.3833	11/2011
INMAR002-21	<i>Pachycheles spinidactylus</i>	3.5	1	Los Órganos	Piura	-4.128783	-81.188101	04/08/2012
INMAR003-21	<i>Petrolisthes cf. desmarestii</i>	2.7	1.71	Baja Punta Sal	Tumbes	-3.886138	-81.080742	06/08/2012
INMAR004-21	<i>Petrolisthes cf. desmarestii</i>	0.8	1.6	Cabo Blanco	Piura	-4.226569	-81.254968	04/02/2013
INMAR016-21	<i>Minyocerus kirki</i>	8	1.75	Acapulco	Tumbes	-3.70639	-80.7878	18/04/2021
INMAR017-21	<i>Minyocerus kirki</i>	11.6	1.76	Acapulco	Tumbes	-3.70639	-80.7878	17/04/2021
INMAR018-21	<i>Pachycheles crinimanus</i>	1.4	1.68	Ancón	Lima	-11.74937	-77.20758	08/08/2020
INMAR019-21	<i>Pachycheles crinimanus</i>	5.9	1.7	Ancón	Lima	-11.74937	-77.20758	09/08/2020
INMAR027-21	<i>Euceramus transversilineatus</i> .	1	0.89	Punta Sal	Tumbes	-3.948257	-81.016692	03/12/2006
INMAR028-21	<i>Orthochela pumila</i>	0.5	1.06	Pena Mala	Piura	-4.12497	-81.10001	02/09/2000
INMAR029-21	<i>Heteroporcellana corbicola</i>	2.6	1.58	Quebrada Verde	Piura	-4.211	-81.219	08/06/2017
INMAR031-21	<i>Pachycheles crinimanus</i>	10.2	1.06	Isla Foca	Piura	-5.206769	-81.204495	27/02/2013

Anexo 3. Relación de secuencias obtenidas a través de la plataforma BOLD (*Barcode of Life*)

	Process ID	Identificación	Región	País	Latitud	Longitud	Fecha de colecta
1	CFAD126-11	<i>Allopetrolisthes angulosus</i>	Los Lagos	Chile	-43.182	-73.64	18/03/2007
2	CFAD130-11	<i>Allopetrolisthes angulosus</i>	Los Lagos	Chile	-41.255	-73.86	18/01/2009
3	CFAD119-11	<i>Allopetrolisthes spinifrons</i>	Los Lagos	Chile	-41.929	-74.037	20/03/2007
4	CFAD120-11	<i>Allopetrolisthes spinifrons</i>	Los Lagos	Chile	-41.929	-74.037	20/03/2007
5	SERCI685-14	<i>Euceramus praelongus</i>	Virginia	EE.UU	36.9568	-76.3958	20/09/2013
6	SERCI740-14	<i>Euceramus praelongus</i>	Virginia	EE.UU	37.0165	-76.0023	17/12/2013
7	ABBAG118-12	<i>Megalobrachium roseum</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
8	ABBAG119-12	<i>Megalobrachium roseum</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
9	GBCMD28252-19	<i>Megalobrachium roseum</i>	-	Brasil	-	-	08/11/2009
10	ABBAG104-12	<i>Pachycheles chacei</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
11	ABBAG105-12	<i>Pachycheles chacei</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
12	ABBAG106-12	<i>Pachycheles chacei</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
13	CFAD113-11	<i>Pachycheles chilensis</i>	Los Lagos	Chile	-41.929	-74.037	20/03/2007
14	CFAD114-11	<i>Pachycheles chilensis</i>	Los Lagos	Chile	-41.929	-74.037	20/03/2007
15	ABBAG087-12	<i>Pachycheles cristobalensis</i>	Bocas del Toro	Panamá	9.34	-82.26	-
16	ABBAG096-12	<i>Pachycheles cristobalensis</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
17	ABBAG097-12	<i>Pachycheles cristobalensis</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
18	ABBAG098-12	<i>Pachycheles cristobalensis</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
19	ABBAG014-12	<i>Pachycheles tuerkayi</i>	Isla Colón	Panamá	9.33	-82.251	02/08/2011
20	ABBAG164-12	<i>Pachycheles tuerkayi</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
21	ABBAG173-12	<i>Pachycheles tuerkayi</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
22	ABBAG175-12	<i>Pachycheles tuerkayi</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
23	ABBAG305-12	<i>Pachycheles tuerkayi</i>	Isla Colón	Panamá	9.34	-82.26	08/08/2011
24	CFAD136-11	<i>Pagurus villosus</i>	Los Lagos	Chile	-42.581	-72.554	20/03/2011
25	ABBAG029-12	<i>Petrolisthes armatus</i>	Isla Colón	Panamá	9.33	-82.251	02/08/2011
26	ABBAG101-12	<i>Petrolisthes armatus</i>	Isla Colón	Panamá	9.438	-82.279	05/08/2011
27	FLTWO233-14	<i>Petrolisthes armatus</i>	Florida	EE.UU	27.488	-80.314	29/05/2013
28	GBCMD26048-19	<i>Petrolisthes armatus</i>	-	Mexico	-	-	-
29	GBCMD26155-19	<i>Petrolisthes armatus</i>	-	Brasil	-	-	-
30	GBCMD26178-19	<i>Petrolisthes armatus</i>	-	Camerún	-	-	-
31	ABBAG198-12	<i>Petrolisthes galathinus</i>	Isla Colón	Panamá	9.34	-82.26	-
32	ABBAG266-12	<i>Petrolisthes galathinus</i>	Bocas del Toro	Panamá	9.34	-82.26	-
33	FPMAR091-08	<i>Petrolisthes galathinus</i>	Florida	EE.UU	26.772	-80.044	04/03/2008
34	FPMAR122-08	<i>Petrolisthes galathinus</i>	Florida	EE.UU	26.772	-80.044	04/03/2008
35	GBCMD28262-19	<i>Petrolisthes galathinus</i>	-	Brasil	-	-	10/10/2003
36	CFAD118-11	<i>Petrolisthes granulatus</i>	Concepcion	Chile	-36.548	-72.934	05/03/2011
37	CFAD115-11	<i>Petrolisthes tuberculatus</i>	Los Lagos	Chile	-41.255	-73.86	18/01/2009
38	CFAD116-11	<i>Petrolisthes tuberculatus</i>	Los Lagos	Chile	-41.255	-73.86	18/01/2009
39	CFAD117-11	<i>Petrolisthes tuberculatus</i>	Los Lagos	Chile	-41.929	-74.037	19/03/2007
40	CFAD121-11	<i>Petrolisthes tuberculatus</i>	Los Lagos	Chile	-43.017	-72.833	14/03/2007
41	CFAD185-11	<i>Petrolisthes tuberculatus_</i>	Los Lagos	Chile	-41.255	-73.86	18/01/2009
42	CFAD112-11	<i>Petrolisthes violaceus</i>	Región de los Ríos	Chile	-39.72	-73.403	07/03/2011
43	GBCMD28263-19	<i>Porcellana sayana</i>	-	Brasil	-	-	18/04/2007
44	GBCMD31317-19	<i>Porcellana sayana</i>	-	Belize	-	-	-

Anexo 4. Distancias interespecíficas K2P-correctadas obtenidas a partir de las secuencias >500 pb. Los valores más altos y bajos se presentan en **negrita**

Grupo	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	
1 <i>A. angulosus</i>																							
2 <i>A. spinifrons</i>	0.150																						
3 <i>E. praelongus</i>	0.232	0.228																					
4 <i>M. roseum</i>	0.218	0.213	0.214																				
5 <i>M. kirki</i>	0.254	0.230	0.206	0.243																			
6 <i>P. chacei</i>	0.218	0.197	0.196	0.203	0.248																		
7 <i>P. chilensis</i>	0.203	0.181	0.172	0.206	0.245	0.143																	
8 <i>P. crinimanus</i>	0.182	0.196	0.159	0.200	0.226	0.158	0.098																
9 <i>P. cristobalensis</i>	0.184	0.170	0.237	0.198	0.228	0.182	0.175	0.175															
10 <i>Pachycheileles</i> sp..	0.205	0.188	0.171	0.216	0.241	0.156	0.060	0.106	0.174														
11 <i>P. spinidactylus</i>	0.197	0.208	0.221	0.225	0.255	0.191	0.142	0.125	0.195	0.146													
12 <i>P. tuerkayi</i>	0.204	0.178	0.210	0.195	0.220	0.172	0.167	0.172	0.171	0.179	0.207												
13 <i>P. armatus</i>	0.192	0.200	0.218	0.239	0.219	0.203	0.195	0.180	0.199	0.182	0.204	0.184											
14 <i>P. cf. desmarestii</i>	0.251	0.237	0.324	0.282	0.313	0.288	0.274	0.275	0.268	0.272	0.269	0.265	0.232										
15 <i>P. galathinus</i> 1	0.192	0.177	0.199	0.199	0.217	0.160	0.153	0.143	0.190	0.159	0.190	0.173	0.189	0.261									
16 <i>P. galathinus</i> 2	0.175	0.203	0.197	0.207	0.239	0.168	0.190	0.151	0.200	0.176	0.187	0.187	0.179	0.254	0.095								
17 <i>P. galathinus</i> 3	0.179	0.199	0.197	0.222	0.249	0.167	0.165	0.154	0.205	0.173	0.178	0.176	0.179	0.237	0.087	0.072							
18 <i>P. granulosis</i>	0.171	0.174	0.216	0.206	0.251	0.218	0.195	0.171	0.208	0.183	0.230	0.190	0.227	0.262	0.189	0.189	0.208						
19 <i>P. tuberculosis</i>	0.180	0.153	0.222	0.207	0.252	0.202	0.178	0.171	0.203	0.185	0.206	0.203	0.191	0.269	0.190	0.191	0.198	0.185					
20 <i>P. violaceus</i>	0.158	0.143	0.215	0.182	0.240	0.201	0.171	0.143	0.166	0.180	0.182	0.183	0.196	0.271	0.155	0.180	0.164	0.182	0.158				
21 <i>P. sayana</i> 1	0.254	0.257	0.198	0.241	0.249	0.245	0.253	0.241	0.264	0.239	0.255	0.263	0.236	0.316	0.239	0.237	0.245	0.260	0.239	0.239			
22 <i>P. sayana</i> 2	0.268	0.254	0.189	0.239	0.243	0.251	0.252	0.247	0.270	0.246	0.257	0.269	0.241	0.339	0.244	0.234	0.244	0.282	0.243	0.257	0.048		

Anexo 5. Distancias interespecíficas K2P-correctadas obtenidas a partir de las secuencias >100 pb. Los valores más altos y bajos se presentan en **negrita**

Nombre	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
1 <i>A. angulosus</i>																										
2 <i>A. spinifrons</i>	0.158																									
3 <i>E. praelongus</i>	0.182	0.208																								
4 <i>E. transversilineatus</i>	0.197	0.215	0.180																							
5 <i>H. corbicola</i>	0.187	0.197	0.120	0.084																						
6 <i>M. roseum</i>	0.175	0.166	0.134	0.182	0.157																					
7 <i>M. kirki</i>	0.217	0.190	0.183	0.247	0.198	0.171																				
8 <i>O. pumila</i>	0.253	0.268	0.311	0.228	0.239	0.225	0.274																			
9 <i>P. chacei</i>	0.192	0.185	0.119	0.188	0.208	0.176	0.185	0.294																		
10 <i>P. chilensis</i>	0.165	0.173	0.109	0.158	0.138	0.119	0.192	0.239	0.133																	
11 <i>P. crinitimanus</i>	0.182	0.185	0.096	0.159	0.138	0.130	0.195	0.299	0.143	0.073																
12 <i>P. cristobalensis</i>	0.182	0.132	0.191	0.216	0.187	0.182	0.182	0.276	0.203	0.141	0.144															
13 <i>Pachycheilus</i> sp.	0.148	0.182	0.101	0.208	0.167	0.168	0.202	0.300	0.142	0.049	0.096	0.132														
14 <i>P. spinidactylus</i>	0.182	0.191	0.141	0.177	0.178	0.165	0.184	0.251	0.183	0.117	0.104	0.125	0.125													
15 <i>P. tuerkayi</i>	0.168	0.146	0.168	0.205	0.194	0.160	0.194	0.223	0.183	0.160	0.169	0.170	0.177	0.205												
16 <i>P. armatus</i> 1	0.199	0.235	0.190	0.290	0.262	0.244	0.236	0.350	0.190	0.209	0.209	0.209	0.173	0.205	0.212											
17 <i>P. armatus</i> 2	0.200	0.216	0.199	0.279	0.262	0.244	0.226	0.337	0.180	0.218	0.212	0.208	0.199	0.190	0.212	0.040										
18 <i>P. armatus</i> 3	0.190	0.236	0.194	0.262	0.268	0.244	0.231	0.350	0.190	0.204	0.207	0.191	0.177	0.212	0.203	0.042	0.049									
19 <i>P. cf. desmaestii</i>	0.246	0.191	0.280	0.301	0.278	0.248	0.275	0.318	0.289	0.241	0.289	0.231	0.241	0.246	0.258	0.185	0.204	0.209								
20 <i>P. galathinus</i> 1	0.182	0.178	0.136	0.176	0.197	0.152	0.217	0.242	0.168	0.120	0.107	0.205	0.152	0.157	0.140	0.222	0.222	0.222	0.243							
21 <i>P. galathinus</i> 2	0.164	0.209	0.140	0.148	0.177	0.173	0.199	0.175	0.162	0.157	0.144	0.183	0.157	0.132	0.145	0.173	0.173	0.165	0.225	0.087						
22 <i>P. galathinus</i> 3	0.164	0.183	0.156	0.186	0.207	0.203	0.245	0.218	0.176	0.140	0.143	0.200	0.156	0.166	0.128	0.208	0.200	0.190	0.230	0.056	0.056					
23 <i>P. granulosus</i>	0.166	0.212	0.191	0.247	0.276	0.197	0.283	0.331	0.222	0.192	0.177	0.238	0.166	0.236	0.243	0.266	0.284	0.255	0.270	0.182	0.209	0.200				
24 <i>P. tuberculosus</i>	0.139	0.133	0.197	0.184	0.185	0.169	0.242	0.239	0.192	0.180	0.172	0.191	0.189	0.147	0.193	0.232	0.207	0.215	0.240	0.172	0.180	0.155	0.181			
25 <i>P. violaceus</i>	0.101	0.126	0.165	0.157	0.129	0.151	0.265	0.253	0.212	0.116	0.117	0.157	0.140	0.157	0.154	0.235	0.226	0.240	0.264	0.153	0.174	0.165	0.194	0.150		
26 <i>P. sayana</i>	0.208	0.240	0.162	0.231	0.204	0.187	0.223	0.332	0.188	0.200	0.207	0.173	0.162	0.199	0.204	0.186	0.180	0.185	0.205	0.185	0.166	0.186	0.228	0.224		

Anexo 6. Mapa de puntos de colecta de *Petrolisthes desmarestii*. Los puntos rojos corresponden a las colectas del grupo *Petrolisthes* aff. *desmarestii*, mientras que el área sombreada corresponde a la distribución de *P. desmarestii* en el Perú. Mapa creado usando Q-GIS (<https://www.qgis.org/es/site/>)



Placa 1

Figura 1. *Allopetrolisthes angulosus* (Guérin, 1835).

Figura 2. *Allopetrolisthes punctatus* (Guérin, 1835)

1



10 mm

2



10 mm

Placa 2

Figura 1. *Allopetrolisthes spinifrons* (H Milne Edwards, 1837)

Figura 2. *Euceramus transversilineatus* (Lockington, 1878)

1



10 mm

2



5 mm

Placa 3

Figura 1. *Heteroporcellana corbicola* Haig, 1978.

Figura 2. *Minyocerus kirki* Glassell, 1938.

1



5 mm

2

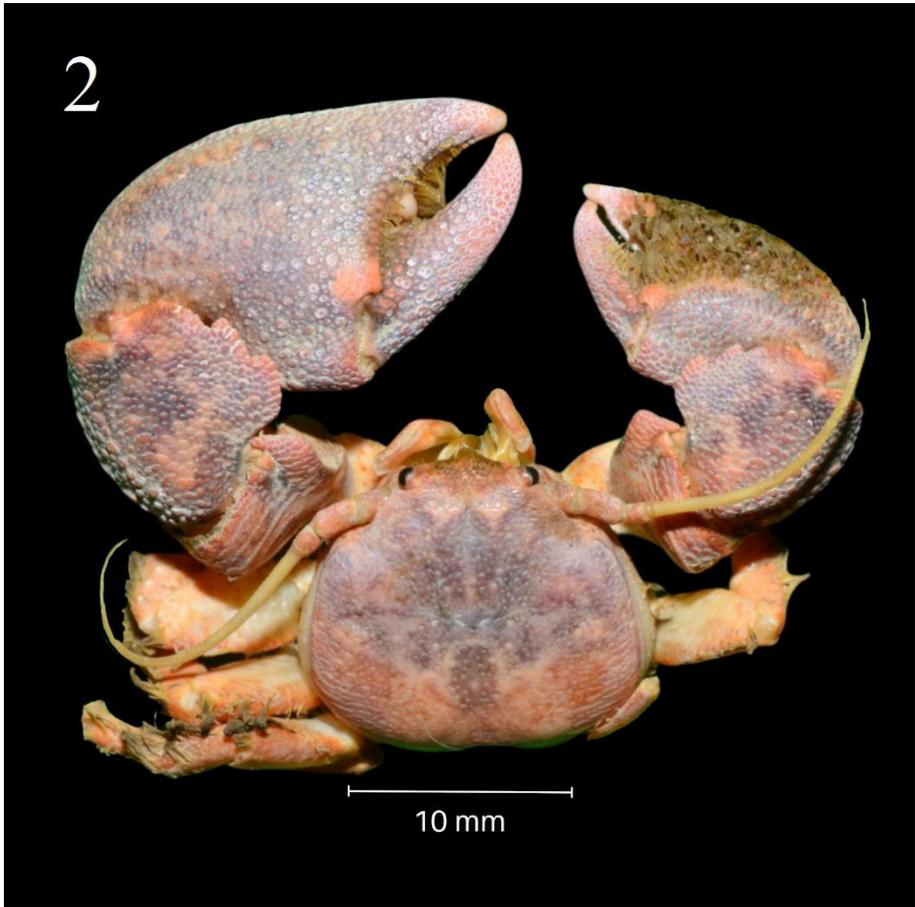


2 mm

Placa 4

Figura 1. *Ortochela pumila* Glassell, 1936

Figura 2. *Pachycheles crinimanus* Haig, 1960.



Placa 5

Figura 1. *Pachycheles spinidactylus* Haig, 1957.

Figura 2. *Petrolisthes armatus* (Gibbes, 1850)

1



10 mm

2



10 mm

Placa 6

Figura 1. *Petrolisthes desmarestii* (Guérin, 1835)



Placa 7

Figura 1. *Petrolisthes* aff. *desmarestii* (Guérin, 1835)

Figura 2. *Pisidia magdalenensis* (Glassell, 1936)

