Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Ciencias Biológicas
Escuela Profesional de Ciencias Biológicas

Delimitación molecular de la fauna de crustaceos asociados a corales gorgonidos (octocorallia) de la isla Foca, Piura, Perú mediante código de barras de ADN

TESIS

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

AUTOR

Gerardo Miguel CHIPANA YAUSÍN

ASESOR

Jorge Luis RAMIREZ MALAVER

Lima, Perú

2026



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

Chipana, G. (2026). *Delimitación molecular de la fauna de crustaceos asociados a corales gorgonidos (octocorallia) de la isla Foca, Piura, Perú mediante código de barras de ADN*. [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	Gerardo Miguel Chipana Yausín
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	72971469
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-4954-3749
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Jorge Luis Ramirez Malaver
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	43352480
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0001-8138-9203
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	Giovanna Elizabeth Sotil Caycho
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	25836223
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	Pedro Eduardo Romero Condori
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	44009312
Miembro del jurado 2	
Nombres y apellidos	Oscar Diego Evangelista Vargas
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	46626302
Datos de investigación	

Línea de investigación	A.1.1.1. Biodiversidad y Ecología de Ecosistemas Acuáticos
Grupo de investigación	No aplica
Agencia de financiamiento	Perú. Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (Concytec). Fondo Nacional de Desarrollo Científico, Tecnológico y de Innovación Tecnológica (Fondecyt). Proyectos de Investigación Básica 2019-01. 363-2019-FONDECYT.
Ubicación geográfica de la investigación	País: Perú Departamento: Piura Provincia: Paita Distrito: Paita Lugar: Isla Foca Latitud: -5.20869 Longitud: -81.21036
Año o rango de años en que se realizó la investigación	2020 - 2026
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 BIÓLOGO CON MENCIÓN EN HIDROBIOLOGÍA Y PESQUERÍA (MODALIDAD: SUSTENTACIÓN PRESENCIAL DE TESIS)

Siendo las 11:39 horas del 12 de octubre de 2026, en el Salón de Grados de la Facultad de Ciencias Biológicas y en presencia del Jurado formado por los profesores que suscriben, se inició la sesión para optar al **Título Profesional de Biólogo con mención en Hidrobiología y Pesquería** de **GERARDO MIGUEL CHIPANA YAUSÍN.**

Luego de dar lectura y conformidad al expediente **N.º UNMSM-20250103044**, el titulando expuso su tesis: **DELIMITACION MOLECULAR DE LA FAUNA DE CRUSTACEOS ASOCIADOS A CORALES GORGONIDOS (OCTOCORALLIA) DE LA ISLA FOCA, PIURA, PERU MEDIANTE CODIGO DE BARRAS DE ADN**, 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 Biólogo con mención en Hidrobiología y Pesquería** a **GERARDO MIGUEL CHIPANA YAUSÍN** y se eleve lo actuado al Rectorado para conferir el respectivo título, conforme a ley.

Siendo las 13:10 horas se levantó la sesión.

Ciudad Universitaria, 12 de octubre de 2026.

GIOVANNA ELIZABETH SOTIL CAYCHO
PRESIDENTA

JORGE LUIS RAMIREZ MALAVER
ASESOR

PEDRO EDUARDO ROMERO CONDORI
MIEMBRO

OSCAR DIEGO EVANGELISTA VARGAS
MIEMBRO

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE
SAN MARCOS
Universidad del Perú, Decana de América

CERTIFICADO DE SIMILITUD

Yo, Jorge Luis Ramirez Malaver en mi condición de asesor acreditado con el Dictamen de la EP N° 000035-2026-EPCB-FCB/UNMSM de la tesis, cuyo título es, "DELIMITACIÓN MOLECULAR DE LA FAUNA DE CRUSTÁCEOS ASOCIADOS A CORALES GORGÓNIDOS (OCTOCORALLIA) DE LA ISLA FOCA, PIURA, PERÚ MEDIANTE CÓDIGO DE BARRAS DE ADN",

presentado por el (a) bachiller GERARDO MIGUEL CHIPANA YAUSÍN, para optar el título profesional de Biólogo con mención en Hidrobiología y Pesquería.

CERTIFICO, que se ha cumplido con lo establecido en la Directiva de Originalidad y de Similitud de Trabajos Académicos, de Investigación y Producción Intelectual. Según la revisión, análisis y evaluación mediante la plataforma PIDS, el documento evaluado cuenta con el 1% de similitud, nivel **PERMITIDO** para continuar con los trámites correspondientes y para su **publicación en el repositorio institucional.**

Se emite el presente certificado en cumplimiento de lo establecido en las normas vigentes, como uno de los requisitos para la obtención del título profesional de Biólogo con mención en Hidrobiología y Pesquería.

Lima, 20 de agosto de 2026

Firma del Asesor: UNMSM Firmado digitalmente por RAMIREZ MALAVER Jorge Luis FAU 20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 20.08.2026 09:36:09 -05:00

Nombres y Apellidos del asesor: Jorge Luis Ramirez Malaver

DNI: 43352480

* Según corresponda: bachiller, magíster, doctor; título profesional o título de segunda especialidad

La vigencia del presente certificado corresponde a un período de noventa (90) días desde la fecha de su emisión; siempre que no haya observaciones en el texto durante el proceso de revisión por el jurado informante o surja alguna contingencia.

Agradecimientos

A mi asesor, Dr. Jorge Ramírez por su guía y apoyo incondicional durante todo este tiempo.

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 maestra Liliana Tapia, por el apoyo con sus equipos y por sus consejos.

A mis maestros de la Facultad de Ciencias Biológicas que me motivaron a mejorar como profesional y persona.

A los investigadores extranjeros que me apoyaron en todo el proceso de identificación.

A los amigos y compañeros del laboratorio 102 y 302.

Dedicatoria

A mis padres Miguel y Elizabeth

A mis hermanos Mayu y Josh

A mi abuela Eulogia.

Índice

1. Resumen **1**

2. Introducción **3**

3. Marco Teórico **5**

3.1. Corales Gorgónidos 5

3.2. Crustáceos asociados a Corales Gorgónidos 7

3.3. Código de barras de ADN en la taxonomía de crustáceos 11

3.3.1. Principio del código de barras de ADN en la taxonomía tradicional . 11

3.3.2. Análisis y agrupamiento de secuencias mediante MOTUs 12

3.3.3. Aplicaciones del código de barras de ADN en el estudio de crustáceos 14

3.4. Crustáceos asociados a corales gorgónidos en Isla Foca 16

3.4.1. Biodiversidad de crustáceos en Isla Foca 16

3.4.2. Aplicación del código de barras en crustáceos de Isla Foca y el Perú 20

4. Objetivos **22**

4.1. Objetivo general 22

4.2. Objetivos específicos 22

5. Material y Métodos **23**

5.1. Área de estudio 23

5.2. Material biológico 24

5.3. Diseño de muestreo y técnica de colecta del material biológico 25

5.4. Procesamiento morfológico 26

5.4.1. Procesamiento de los corales gorgónidos 26

5.4.2. Procesamiento de los crustáceos 26

5.5. Identificación taxonómica 27

5.5.1. Identificación de los corales gorgónidos 27
5.5.2. Identificación de crustáceos 27
5.6. Registro fotográfico 29
5.7. Procesamiento molecular 30
5.7.1. Extracción de ADN 30
5.7.2. Amplificación y secuenciación del gen COI 31
5.7.3. Ensamblaje y alineamiento de las secuencias 33
5.8. Delimitación molecular 33
5.8.1. Asignación de las secuencias de ADN a los taxones de la biblioteca de referencia de BOLD 33
5.8.2. Construcción de la base de datos del código de barras en la plataforma BOLD 34
5.8.3. Análisis molecular de las secuencias 34

6. Resultados **37**

6.1. Identificación y caracterización morfológica 37
6.1.1. Identificación de las colonias de gorgonias 37
6.1.2. Identificación y caracterización morfológica de crustáceos 38
6.2. Código de barras de ADN 90
6.2.1. Comparación entre las secuencias del presente estudio 92
6.2.2. Comparación con las bases de datos de referencia 94
6.3. Delimitación de especies 101
6.3.1. Comparación con las bases de datos de referencia 103

7. Discusión **108**

7.1. Cirrípedos 108
7.1.1. Código de barras y delimitación molecular 108

7.1.2. Relación de asociación a su hospedero 110
7.2. Anfípodos 111
7.2.1. Código de barras y delimitación molecular 111
7.2.2. Relación de asociación a su hospedero 116
7.3. Decápoda 118
7.3.1. Código de barras y delimitación molecular 118

8. Conclusiones **121**

9. Recomendaciones **122**

10. Referencias bibliográficas **123**

11. ANEXOS **145**

A. Fauna asociada a corales gorgónidos de diferentes regiones del mundo **145**

B. Protocolo DE Extracción DE ADN KIT Wizard® SV Genomic DNA Purification System **152**

C. Protocolo de extracción de ADN con solución salina **154**

D. Protocolo de extracción de ADN (HOT-SHOT) **155**

E. Concentraciones de reactivos de PCR por muestra **157**

F. Purificación de productos de PCR **158**

G. Información general de los "voucher" en la plataforma BoldSystem. **159**

H. "Primers", cromatogramas y secuencias consenso del código de barras de ADN **160**

I. Registro de información general en el proyecto INMAR **161**

J. Características de las colonias de gorgonias del genero *Leptogorgia* 162

K. Características comparativas de las colonias del género *Psammogorgia* 163

L. Características comparativas de los escleritos de las colonias de gorgonias del género *Psammogorgia* 164

M. *Psammogorgia* cf. *teres* (06-000386) 165

N. Resúmen de registros genéticos procesados 166

Índice de cuadros

1. Registro de crustáceos en Isla Foca 18
2. Corales gorgónidos registrados en el Perú. 20
3. Ubicación geográfica de las estaciones de muestreo en Isla Foca 24
4. Protocolos de extracción de ADN 31
5. Colonias de gorgonias identificadas 38
6. Grupos de crustáceos registrados e identificados mediante caracteres morfológicos. Los valores númericos entre paréntesis hacen referencia a los códigos de laboratorio para cada colonia de gorgonia 39
7. Comparación de identificación de especies entre BOLD y GenBank (BLASTn). 92
8. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P. Secuencias del presente estudio 93
9. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P. *T. tumidus* y los registros de referencia en BOLD/NCBI 95
10. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P. *C. scaura* s.l. y los registros de referencia en BOLD/GenBank . . 96
11. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P. Cirrípedos y los registros de referencia en BOLD/GenBank 98
12. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P. *Stenothoe* cf. *georgiana* y los registros de referencia en BOLD/GenBank100

Índice de figuras

1. Reproducción de los antozoos. 5
2. Formas de las colonias de gorgonias. 6
3. Estudios de fauna asociada a corales gorgónidos de diferentes regiones del mundo 8
4. Distribución de la fauna asociada a corales gorgónidos de diferentes regiones del mundo. 8
5. Estaciones de muestreo en Isla Foca 24
6. Muestreo de la colonia escleractinia *Pocillopora verrucosa*. 25
7. *Synalpheus spinifrons*: Vista general del cefalotórax y región anterior. 42
8. *Synalpheus spinifrons*: Detalles del telson, urópodos y pereópodos. 43
9. *Stenorhynchus debilis* 45
10. *Teleophrys tumidus* 47
11. *Acanthonyx* sp. 49
12. *Pilumnus* sp. 51
13. *Conopea* sp. Placas de la pared y operculares completas. 56
14. *Conopea* sp. Placas de la pared y operculares completas II. 57
15. *Conopea* sp. y Archaeobalaninae. Placas de la pared y operculares completas. 58
16. *Conopea* sp. Cirro I, II, III. 59
17. *Conopea* sp. Cirro IV, V, VI y maxila. 60
18. *Conopea* sp. Piezas bucales y pene. 61
19. Archaeobalaninae. Cirro I, II, III. 65
20. Archaeobalaninae. Cirro III, IV, V y VI. 66
21. Archaeobalaninae. Piezas bucales y pene. 67

22. *Caprella scaura* (sensu lato) 69
23. *Elasmopus* cf. *rapax* 72
24. *Elasmopus* cf. *rapax*. Piezas bucales, urópodos y telson. 73
25. *Elasmopus* cf. *rapax*. Gnatópodo 1 y Gnatópodo 2. 74
26. *Podocerus* sp. 77
27. *Podocerus* sp. Piezas bucales, Urópodos y telson 78
28. *Podocerus* sp. Gnatópodo 1 y Gnatópodo 2. 79
29. *Podocerus* sp. Pereópodos. 80
30. *Stenothoe* cf. *georgiana* individuos machos 84
31. *Stenothoe* cf. *georgiana* individuos machos y hembras 85
32. *Stenothoe* cf. *georgiana* individuos hembras 86
33. *Stenothoe* cf. georgiana. Piezas bucales, Urópodos y telson. 87
34. *Stenothoe* cf. georgiana. Gnatópodo 1 y Gnatópodo 2. 88
35. *Stenothoe* cf. *georgiana*. Pereópodos. 89
36. Brecha de código de barras de ADN 93
37. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) para los taxones identificados en este estudio. 94
38. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de *Teleophrys tumidus* obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank 95
39. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de *C. scaura* s.l. obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank 97
40. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de cirrípedos obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank 99

41. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de *Stenothoe* cf. *georgiana* obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/NCBI 100
42. Delimitación de MOTUs por los métodos GMYC, PTP y bPTP / Muestras de este estudio. 102
43. Delimitación de MOTUs por métodos GMYC, PTP y bPTP de *Teleophrys tumidus* provenientes de Isla Foca junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y NCBI. 104
44. Delimitación de MOTUs por métodos GMYC, PTP y bPTP de cirrípedos provenientes de Isla Foca junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y NCBI. 105
45. Delimitación de MOTUs por métodos GMYC, PTP y bPTP de *Caprella scaura* s.l. provenientes de Isla Foca junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y GenBank. 106
46. Delimitación de MOTUs por métodos GMYC, PTP y bPTP de *Stenothoe* cf. *georgiana* provenientes de Isla Foca junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y GenBank. 107
47. Comparación de Gnatópodo 2. *Stenothoe* cf. *georgiana* 115
48. Comparación de Pereiópodo 7. *Stenothoe* cf. *georgiana* 115
49. Comparación de Quela. *Teleophrys tumidus* 119
50. Comparación de Pleópodo 1. *Teleophrys tumidus* 120

1. Resumen

Los corales gorgónidos constituyen hábitats estructuralmente complejos que alojan una alta diversidad de fauna asociada, entre ellos crustáceos. En este estudio se empleó un análisis de morfología y código de barras de ADN (gen COI) para caracterizar morfológicamente y delimitar molecularmente a las especies de crustáceos asociados a corales gorgónidos en Isla Foca (Piura, Perú). Se colectaron 13 colonias de gorgonias, en las cuales se registraron 242 individuos de crustáceos asociados, distribuidos en 12 taxones identificados mediante morfología: textitSynalpheus spinifrons, *Stenorhynchus debilis*, *Teleophrys tumidus*, *Stenothoe* cf. *georgiana*, *Caprella scaura* s.l., *Elasmopus* cf. *rapax*, *Acanthonyx* sp., *Conopea* sp., *Pilumnus* sp., *Podocerus* sp., subfamilia Archaeobalaninae y familia Pleustidae.

Se obtuvieron 26 secuencias de ADN, las cuales fueron comparadas con la base de datos BOLD y GenBank, y analizadas mediante métodos GMYC, bPTP y PTP. El análisis molecular permitió delimitar 8 MOTUs congruentes con *S. debilis*, *T. tumidus*, *S. spinifrons*, *Acanthonyx* sp., *Pilumnus* sp., *Conopea* sp., Archaeobalaninae y *C. scaura* s.l. No obstante, *Stenothoe* cf. *georgiana* presentó alta divergencia genética (14.75%) y fue separada en 3 MOTUs sin diferencias morfológicas claras. *Conopea* sp formó un clado diferenciado con distancias >8% respecto a secuencias del Caribe y Pacífico oriental. *T. tumidus* fue delimitado como una MOTU, con variaciones morfológicas asociadas al tamaño en comparación con ilustraciones y material de referencia. Este es el primer estudio en Perú que integra evidencia morfológica y molecular para la delimitación de crustáceos asociados a gorgonias.

Palabras clave: COI, MOTUs, Cirripedia, Amphipoda, Decapoda, Pacífico Suroriental.

Abstract

Gorgonian corals constitute structurally complex habitats that host a high diversity of associated fauna, including crustaceans. In this study, morphological analysis and DNA barcoding (COI gene) were used to morphologically characterize and molecularly delimit crustacean species associated with gorgonian corals from Isla Foca (Piura, Peru). A total of 13 gorgonian colonies were collected, in which 242 associated crustacean individuals were recorded, distributed among 12 taxa identified through morphology: *Synalpheus spinifrons*, *Stenorhynchus debilis*, *Teleophrys tumidus*, *Stenothoe* cf. *georgiana*, *Caprella scaura* s.l., *Elasmopus* cf. *rapax*, *Acanthonyx* sp., *Conopea* sp., *Pilumnus* sp., *Podocerus* sp., subfamilia Archaeobalaninae, and familia Pleustidae.

A total of 26 DNA sequences were obtained, which were compared against the BOLD and GenBank databases and analyzed using GMYC, bPTP, and PTP methods. The molecular analysis delimited 8 MOTUs congruent with *S. debilis*, *T. tumidus*, *S. spinifrons*, *Acanthonyx* sp., *Pilumnus* sp., *Conopea* sp., Archaeobalaninae, and *C. scaura* s.l. However, *Stenothoe* cf. *georgiana* showed high genetic divergence (14.75%) and was separated into three MOTUs without clear morphological differences. *Conopea* sp. formed a distinct clade with genetic distances >8% compared to sequences from the Caribbean and the eastern Pacific. *T. tumidus* was delimited as a single MOTU, exhibiting morphological variation associated with body size when compared to illustrations and reference material.

This is the first study in Peru integrating morphological and molecular evidence for the delimitation of crustaceans associated with gorgonian corals.

Keywords: COI, MOTUs, Cirripedia, Amphipoda, Decapoda, Southeastern Pacific.

2. Introducción

Los corales gorgónidos (Octocorallia: Holaxonia) constituyen un grupo clave dentro de los ecosistemas marinos bentónicos, caracterizados por su morfología tridimensional, flexibilidad estructural y capacidad de formar hábitats complejos y estables (Kupfner Jhonson & Hallock 2020, Bayer 1981, Cerrano et al. 2010). Estas especies, ampliamente distribuidas en mares tropicales y templados, han sido reconocidas como "ingenieros ecosistémicos" por su rol en la modificación del entorno y la generación de microhábitats que albergan una alta diversidad de organismos asociados, incluyendo crustáceos, anélidos, moluscos, ofiuroideos y otros cnidarios (Soler et al. 2018, Soler 2016, Goh et al. 1999, Patton 1972).

Estudios realizados en diferentes regiones del mundo han demostrado que los crustáceos son el grupo más diverso y dominante dentro de la fauna asociada a corales gorgónidos, estableciendo relaciones que van desde asociaciones temporales por alimentación hasta vínculos simbióticos estrechos y especializados (Buhl-Mortensen & Mortensen 2004, Ponti et al. 2016, Kumagai & Aoki 2003, Wicksten & Cox 2011, Bruce 1970, Carvalho et al. 2013, Goh et al. 1999). Entre los crustáceos asociados destacan anfípodos, decápodos, cirrípedos y copépodos, muchos de los cuales han desarrollado adaptaciones morfológicas y conductuales específicas que les permiten habitar las ramas de los octocorales (Laubitz & Lewbel 1974, Myers & Hall-Spencer 2004, Ng & Goh 1996, Carrison-Stone et al. 2013, Taboada et al. 2019).

En el Perú, estudios sobre fauna asociada a corales gorgónidos son prácticamente inexistentes. Las investigaciones se han centrado principalmente en la taxonomía de los octocorales en la región comprendida entre Cabo Blanco y Tumbes (Breedy & Guzman

2007, Breedy & Guzman 2016). Esta carencia de información se hace aún más evidente en el caso de los crustáceos asociados a corales gorgónidos en Isla Foca, donde los registros son limitados. Además, la identificación a nivel de especie de crustáceos se dificulta por la similitud morfológica entre especies, la presencia de especies crípticas, la variabilidad morfológica intraespecífica –incluyendo el dimorfismo sexual y las diferencias ontogenéticas– y la falta de claves taxonómicas detalladas para muchas regiones (Radulovici et al. 2009). Ante esta falta de información, resulta necesario un enfoque que integre herramientas tradicionales y moleculares para el estudio de la diversidad de los crustáceos asociados a corales gorgónidos. En este contexto, el uso del código de barras de áçido desoxirribonucleico (ADN) basado en el gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I (COI) se ha consolidado como una herramienta complementaria y efectiva. Este enfoque permite la identificación y delimitación de especies al comparar sus secuencias con una base de datos conformada por organismos previamente identificados correctamente, o confirmar su clasificación dentro de un grupo biológico establecido por la taxonomía clásica. (Hebert et al. 2003a, Moreno 2005, Raupach et al. 2015). Este enfoque permite generar Unidades Operacionales Taxonómicas Moleculares (MOTUs) que, al integrarse con la taxonomía morfológica tradicional, pueden conducir a la descripción de nuevas especies (Floyd et al. 2002, Pons et al. 2006, Ramírez et al. 2020).

La presente tesis tuvo como objetivo delimitar MOTUs de crustáceos asociados a corales gorgónidos de la Isla Foca mediante el uso del código de barras genético. Para ello, se realizó una caracterización morfológica hasta el nivel de género o especie, una delimitación molecular para la obtención de MOTUs y la evaluación de la correspondencia entre estas y la identificación morfológica. Este trabajo representa el primer esfuerzo en integrar herramientas moleculares y morfológicas en el estudio de crustáceos asociados a gorgonias en el Perú, contribuyendo así al conocimiento de la biodiversidad marina.

3. Marco Teórico

3.1. Corales Gorgónidos

Los corales gorgónidos (abanicos de mar y látigos de mar) constituyen componentes abundantes y diversos tanto en comunidades arrecifales como en otros fondos marinos, incluyendo zonas rocosas y de mayor profundidad (Kupfner Jhonson & Hallock 2020). Estas especies pertenecen a los órdenes Malacalcyonacea y Scleralcyonacea de la clase Octocorallia (McFadden et al. 2022). En su fase adulta bentónica desarrollan una morfología arbórea tridimensional con un eje de soporte interno compuesto por la proteína gorgonina con cantidades variables de calcita (Bayer 1981). Su ciclo de vida se basa en una alternancia de generaciones donde la larva tipo plánula es producida sexualmente y luego pasa por un proceso de metamorfosis para asentarse en un sustrato sólido (Brusca & Brusca 2005a) (Figura 1).

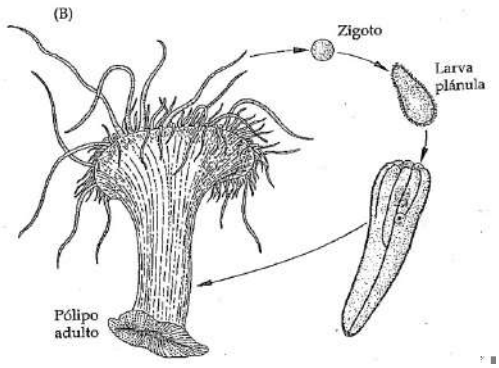


Figura 1. Reproducción de los antozoos. Tomado de Brusca y Brusca (2005a)

Tras la fijación larval y el proceso de metamorfosis, los corales gorgónidos se adhieren al sustrato mediante un disco basal, preferentemente sobre superficies rocosas sólidas y ásperas con poca o ninguna inclinación; su crecimiento vertical y ramificado les permite acceder a mayores recursos de la columna de agua y reducir la competencia por el espacio con otros organismos sésiles (Kupfner Jhonson & Hallock 2020, Jackson 1977). Poseen una alta flexibilidad estructural, lo que les permite adaptarse a ambientes

marinos dinámicos o adquirir mayor rigidez en aguas someras de baja turbulencia. Esta característica genera una alta plasticidad morfológica y fenotípica intraespecífica e interespecífica, lo que les permite prosperar en una gran variedad de hábitat arrecifales (Kupfner Jhonson & Hallock 2020) (Figura 2). Debido a su tamaño, estructura tridimensional y capacidad de formar agregaciones tridimensionales complejas han sido denominados "ingenieros ecosistémicos" (Cerrano et al. 2010, Soler 2016) ya que modifican el entorno y proporcionan un hábitat estructurado permanente o temporal a otros organismos como crustáceos, anélidos, moluscos, ofiuroideos, esponjas, briozoos y otros cnidarios (Goh et al. 1999, Patton 1972). Debido a su importancia ecológica y su papel como hábitat para numerosas especies, los corales gorgónidos constituyen un componente esencial en los sistemas coralinos de las costas del Pacífico Oriental Tropical (POT) (Soler et al. 2018, Soler-Hurtado et al. 2016, Bayer 1981).

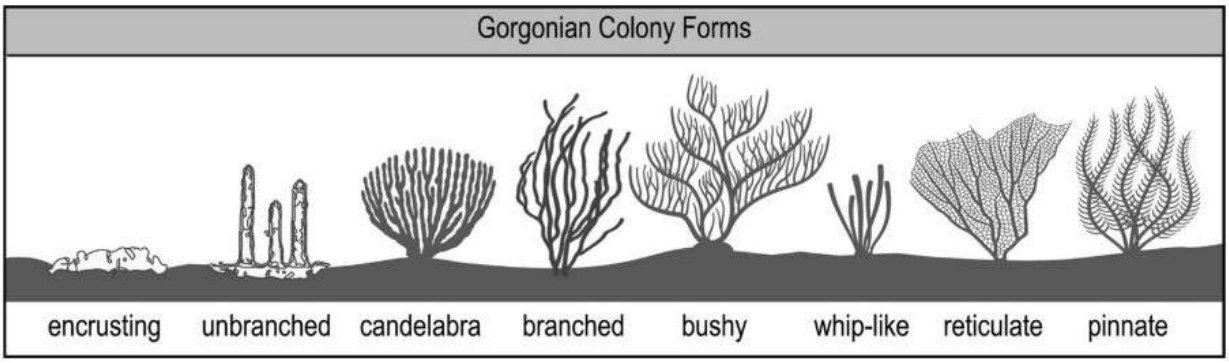


Figura 2. Formas de las colonias de gorgonias. Tomado de Kupfner Jhonson y Hallock (2020).

3.2. Crustáceos asociados a Corales Gorgónidos

Los crustáceos se distribuyen en ecosistemas terrestres, marinos, estuarinos y dulceacuícolas, siendo los más diversos y abundantes en los océanos del mundo (Brusca & Brusca 2005b). Su riqueza y abundancia como fauna asociada a corales gorgónidos ha sido documentada globalmente (Ponti et al. 2016, Goh et al. 1999, Buhl-Mortensen & Mortensen 2004, Buhl-mortensen & Mortensen 2005, Wendt et al. 1985, Carvalho et al. 2013, Patton 1972, Kumagai & Aoki 2003, Wicksten & Cox 2011, Bruce 1970, Laubitz & Lewbel 1974, Lowry 1984, Thomas 1996, Gamo & Shinpo 1992, Smith et al. 2012) (Figura 3). Los resultados de estos estudios ubican a los crustáceos como el grupo dominante a nivel de riqueza específica (Figura 4) con 9 taxones representativos; 1) Amphipoda, 2) Decapoda, 3) Isopoda, 4) Cirripedia, 5) Copepoda, 6) Ostracoda, 7) Tanaidacea, 8) Mysida y 9) Cumacea. Según Glynn y Enochs (2011), estos organismos interactúan como depredadores, carroñeros, alimentadores por suspensión o de depósito y pastoreadores, y viven asociados a esponjas, nudibranquios, peces, crustáceos y colonias de cnidarios en los ecosistemas arrecifales. En este contexto, los corales gorgónidos proveen hábitats permanentes o temporales a un gran número de especies de crustáceos lo que les ha permitido establecerse y prosperar, consolidándose como el grupo más dominante de toda la fauna asociada (Soler et al. 2018, Cúrdia et al. 2015, Buhl-Mortensen & Mortensen 2004, Buhl-mortensen & Mortensen 2005). En el marco del presente estudio, el término "crustáceo asociado" o "asociación" sigue la definición de Goh et al. (1999):

"A gorgonian "associate", as used in this paper refers loosely to any animal found on or in a gorgonian colony (host). It includes animals found on the host for short-term activities like feeding (on detrital matter (scavenging) or on the gorgonian itself (predation)), to more long-term symbiotic associations where the associate lives on or in the host" (p:259).

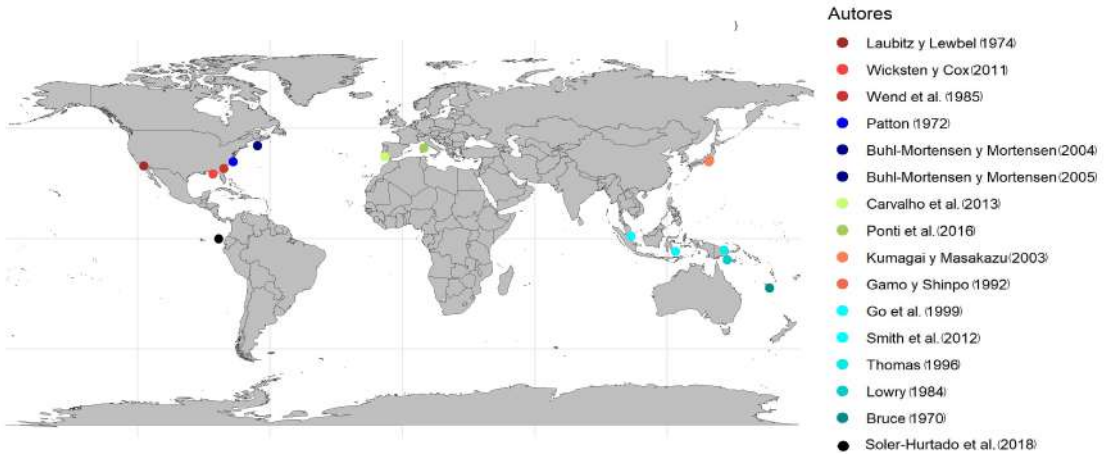


Figura 3. Estudios de fauna asociada a corales gorgónidos de diferentes regiones del mundo. Datos compilados de la literatura (ver Anexo A)

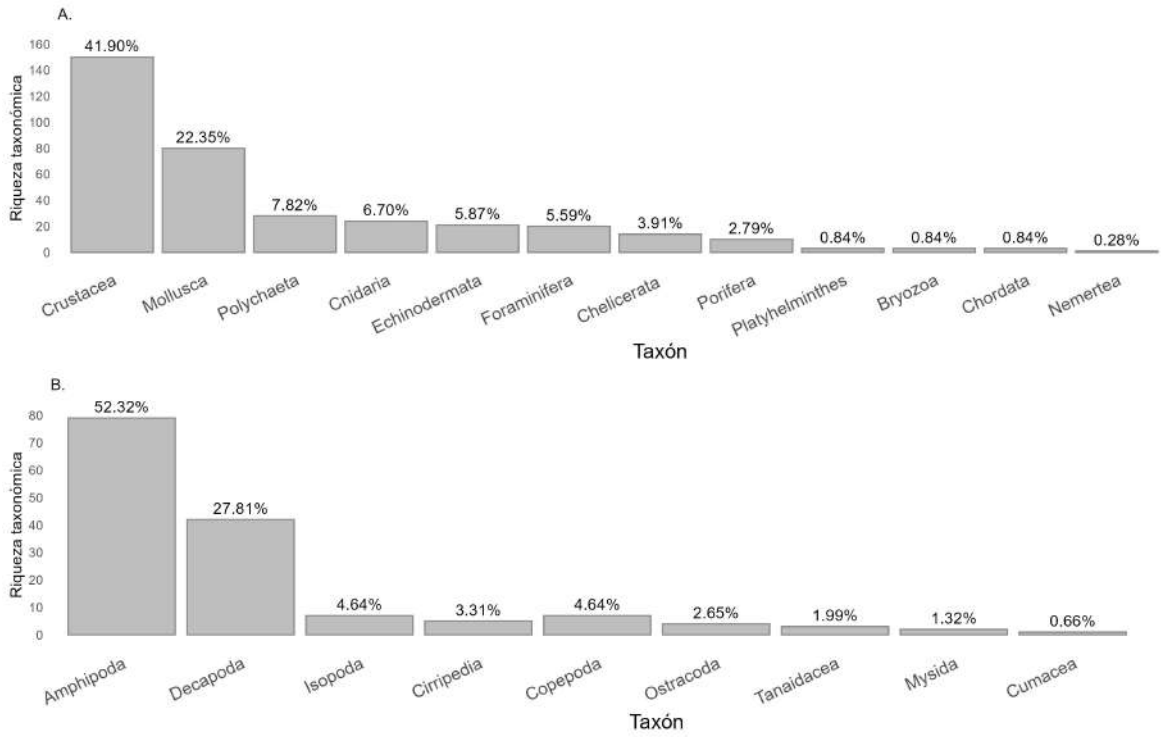


Figura 4. Distribución de la fauna asociada a corales gorgónidos de diferentes regiones del mundo. **A)** Número de taxones identificados asociados a corales gorgónidos. **B)** Número de taxones de crustáceos asociados a corales gorgónidos. Datos compilados de la literatura. Los registros incluyen especies descritas y morfoespecies (e.g. *Elasmopus* sp. A., *Microjassa* sp. A, Lamippidae) tratadas como unidades taxonómicas independientes para fines comparativos (ver Anexo A).

Los grupos de crustáceos mencionados han desarrollado asociaciones particulares con diferentes especies de corales gorgónidos. Los anfípodos de la familia Pleustidae los usan para su protección contra depredadores, debido a que poseen metabolitos que resultan desagradables para los peces circundantes (Kumagai 2008) y otros como la

especie *Dautzenbergia comitari* (Myers & Hall-Spencer, 2004) se han adaptado morfológicamente para tener un mejor agarre sobre las ramas, lo que sugiere que puede ser un comensal obligado a las gorgonias (Myers & Hall-Spencer 2004). Referente a los caprélidos, Laubtiz y Lewbel (1974) sugieren que posiblemente *Caprella gorgonia* Laubitz y Lewbel, 1974 podría tener como sustrato exclusivo principalmente a *Leptogorgia chilensis* (Verril, 1868) por no haberse registrado sobre otro tipo de sustrato. Por otro lado, Cabezas et al. (2013) comentan que la ausencia de espinas prensoras en los pereópodos 5 y 7 de los caprélidos es una adaptación para habitar exclusivamente colonias de gorgonias.

Con respecto a los decápodos, los camarones de la familia Palaemonidae viven asociados a una gran variedad de especies de corales gorgónidos alrededor del mundo (Bruce 1970). Las hembras ovígeras de la especie *Neopontonides beaufortensis* (Borradaile, 1920) tienen la capacidad de cambiar al mismo color del coral gorgónido como una estrategia de protección frente a sus depredadores (Borradile 1920 en Patton 1972). El camarón *Pseudocoutierea wirtzi* d'Udekem d'Acoz, 2001 muestra también un patrón de color similar al de su hospedero y presenta modificaciones en los tres últimos pares de pereópodos que le permiten mantenerse plano mientras se aferra a las ramas del coral. Esta adaptación podría conferirle ventajas en camuflaje, dar estabilidad y eficiencia energética (d'Udekem d'Acoz 2000). Galateidos, como la especie *Munidopsis sarissa* Lin et al., 2007 se ha registrado en asociación con el coral gorgónido *Chrysogorgia* sp., presentando características morfológicas inusuales que convergen con los quirostílidos del género *Uroptychus* —comúnmente registrados a corales gorgónidos y pennatuláceos— con los que comparten una forma corporal, tamaño y hábitat similares (Lin et al. 2007). El cangrejo porcelánido *Aliaporcellana telestophila* (Johnson, 1958) es un comensal del coral gorgónido *Solenocaulon* sp., el cual le ofrece un hábitat donde puede refugiarse,

alimentarse y reproducirse (Ng & Goh 1996).

Referente a los isópodos, Taboada et al. (2019) sugieren que la especie *Astacilla andresmeixidei* Junoy y Taboada, 2019 es una comensal del coral gorgónido *Placogorgia*, del cual se beneficia al sujetarse de sus ramas para alcanzar mayor altura en la columna del agua con el objetivo de aumentar sus posibilidades de captar la materia orgánica particulada suspendida. Sin embargo, no descartan que pueda asociarse con otros corales gorgónidos o invertebrados que puedan darle la misma ventaja. En el caso de los cirrípedos, el ejemplo de asociación más destacable es el del género *Conopea*. Estas especies son comensales obligados de los corales gorgónidos y dependen completamente de su hospedero, sin causarle daño o beneficio significativo. La base de las placas se sujeta al eje del coral gorgónido, y el tejido del hospedero cubre todo el organismo, a excepción de la abertura opercular (Carrison-Stone et al. 2013), lo que les permite alimentarse mediante una estrategia de filtración pasiva. Estas especies tienen una amplia distribución alrededor del mundo, en mares tropicales y templados, desde zonas someras hasta mayores profundidades (Kolbasov et al. 2016).

Los corales gorgónidos también mantienen asociaciones perjudiciales. Un ejemplo de ello, es el parasitismo ejercido por copépodos de la familia Lamippidae. Estas especies son endoparásitos obligados y altamente especializados, caracterizados morfológicamente por la reducción de sus apéndices. Inducen a la formación de agallas moradas y otros engrosamientos anómalos del tejido de los corales gorgónidos, donde se desarrollan sus diferentes estadios. Dichas alteraciones reflejan un consumo de recursos y una modificación del tejido del coral, evidenciando un efecto claramente perjudicial para la gorgonia (Korzhavina et al. 2019, Buhl-Mortensen & Mortensen 2004). Hasta la fecha se han documentados 54 especies alrededor del mundo (Korzhavina et al. 2024).

3.3. Código de barras de ADN en la taxonomía de crustáceos

3.3.1. Principio del código de barras de ADN en la taxonomía tradicional

En cualquier tipo de estudio biológico, una correcta identificación taxonómica es fundamental para su desarrollo y continuidad. En este contexto, los marcadores moleculares constituyen herramientas complementarias valiosas que proporcionan nuevos datos "biológicos" de utilidad para la identificación de los especímenes y resolución de filogenias a partir de la información contenida en el ácido desoxirribonucleico (ADN) (Moreno 2005). Según Hebert et al. (2003a), se puede utilizar el código de barras de ADN, basado en un fragmento estandarizado de aproximadamente 650 pares de bases (pb) del gen mitocondrial de la subunidad 1 del Citocromo c oxidasa (COI), para lograr una identificación rápida de especies al comparar sus secuencias con una biblioteca de referencia construida a partir de organismos previamente identificados correctamente, o para reforzar la confirmación del grupo biológico por la taxonomía tradicional.

En dicho estudio, los autores demostraron que este código de barras de ADN permitió discriminar especies de lepidópteros (mariposas y polillas), en concordancia con su delimitación morfológica. Además, Hebert et al. (2003b) destacan que este marcador molecular es idóneo para la discriminación de especies porque el gen COI está presente en todos los animales y cumple funciones metabólicas esenciales, por lo que su secuencia no se pierde ni se recombina fácilmente. Este gen evoluciona rápidamente entre especies, lo que proporciona una buena resolución interespecífica, y presenta regiones conservadas que facilitan el diseño de primers universales (LCO1490 y HCO2180). Por último, al ser haploide y de herencia materna, su análisis resulta más simple y menos afectado por recombinación.

A pesar de esta eficacia comprobada, los investigadores también destacan algunas limitaciones para la discriminación de especies: 1) En grupos con baja tasa de evolución mitocondrial (Cnidaria), el gen COI no tiene suficiente variación para distinguir especies. 2) En algunos casos, especies del mismo género con historias evolutivas muy recientes presentan divergencias menores al 2%, reflejando periodos cortos de aislamiento reproductivo por lo que no presentan todavía suficiente divergencia en el gen COI. 3) Cuando ocurre flujo genético entre especies (hibridación o introgresión mitocondrial), este marcador molecular no puede reflejar correctamente los límites entre especies. 4) Además, los investigadores recomiendan usar marcadores nucleares complementarios cuando el gen COI no ofrece suficiente resolución.

Aunque existen estas limitaciones, el uso del código de barras de ADN se ha ampliado a diversos grupos de animales. En paralelo, se creó la iniciativa Internacional Barcode of Life (iBOL) y la plataforma Barcode of Life Data Systems (BOLD), destinada al almacenamiento de secuencias de ADN y metadatos asociados. Asimismo, este enfoque ha sido adoptado por instituciones taxonómicas, universidades, museos y programas de monitoreo ambiental (Guo et al. 2022). En la actualidad, sus aplicaciones más relevantes incluyen la identificación de especies —incluso en estadios inmaduros o restos biológicos—, la delimitación de nuevas especies, el descubrimiento de diversidad críptica y también el desarrollo de nuevas formas para evaluar la biodiversidad de manera más rápida, como el metabarcoding.

3.3.2. Análisis y agrupamiento de secuencias mediante MOTUs

Uno de los enfoques para el análisis de las secuencias de ADN es la Unidad Operacional Taxonómica Molecular (MOTU), la cual se define como un conjunto de secuencias del mismo marcador molecular que han sido agrupadas por algún umbral de similitud

(Floyd et al. 2002), con el objetivo de emplearlas en estudios de diversidad o en la delimitación de especies. También existen métodos basados en modelos estocásticos que infieren eventos de especiación a partir de la topología y las longitudes de rama de árboles filogenéticos, como el Generalized Mixed Yule Coalescent model (GMYC), Poisson Tree Processes model (PTP) y Bayesian Poisson Tree Processes model (bPTP) (Pons et al. 2006, Zhang et al. 2013), los cuales se utilizan específicamente para la delimitación de especies. Estos últimos presentan ventajas sobre los métodos basados en distancia, ya que no dependen de un valor umbral —el cual puede variar entre estudios u organismos lo que lleva a un criterio de subjetividad— para agrupar las MOTUs. Por lo tanto, son enfoques más robustos y reproducibles (Pons et al. 2006, Zhang et al. 2013, Hubert & Hanner 2015).

Plataformas como BOLD emplean algoritmos específicos (Barcode Index Number (BIN)) para la delimitación de MOTUs, consideradas como posibles representantes de especies (Ratnasingham & Hebert 2013). En este sentido, las MOTUs constituyen una herramienta complementaria para la clasificación ordenada y jerarquizada dentro de la taxonomía tradicional (Moreno 2005) y se emplean también para la identificación de especies cuando existen bases de datos de referencia suficientemente robustas para comparar y asignar taxones. Asimismo, facilitan la descripción de nuevos taxones mediante análisis morfológicos detallados que toman como referencia las MOTUs generadas (Elías-Gutiérrez & Valdez-Moreno 2008). Sin embargo, en ausencia de bases de datos robustas, las MOTUs no siempre se corresponden con especies formalmente descritas, lo que puede limitar la precisión de los análisis de diversidad (Ryberg 2015). Además, los tiempos de divergencia y las tasas mutacionales difieren entre grupos taxonómicos, por lo que no existe un marcador universal aplicable a todos ellos; de ahí la importancia de integrar los datos genéticos con la evidencia morfológica (Clare et al. 2016). En este

contexto, una MOTU constituye una unidad genética delimitada, la cual puede interpretarse como una hipótesis de delimitación de especies, dependiendo del enfoque y los criterios utilizados.

3.3.3. Aplicaciones del código de barras de ADN en el estudio de crustáceos

El uso del código de barras de ADN basado en el gen COI es fundamental y complementario para el estudio de la diversidad de crustáceos, ya que facilita una identificación precisa en correspondencia con los caracteres morfológicos, en la mayoría de los casos (Raupach et al. 2015). Este enfoque molecular es especialmente útil para revelar diversidad oculta, como se documenta en el trabajo de Ramírez et al. (2021) sobre los camarones peneidos. Los autores registraron 143 MOTUs correspondientes a 112 especies nominales, lo que resulta en una diversidad oculta de más del 20% debido a que solo 85 especies se corresponden con las MOTUs.

Así mismo, los autores destacan la posible presencia de especies crípticas, como el complejo conformado por *Melicertus plebejus* (Hess, 1865) y *M. latisulcatus* (Kishinouye, 1896). Aunque ambas especies se agrupan en sus MOTUs correspondientes, también se integran en una tercera, lo que refleja una estrecha relacion entre estas especies. Además, la alta similitud morfológica complica discriminar una potencial especie nueva.

Un patrón similar se observa en los estadios juveniles del género *Farfantepenaeus* en los cuales los caracteres morfológicos tradicionales para la identificación a nivel de especie no resultan eficaces durante esta etapa del ciclo de vida. Específicamente en estos casos, el uso del código de barras de ADN es particularmente útil debido a que la información almacenada en el ADN no cambia en función del estadio ontogénico (Teodoro et al. 2016).

En anfípodos, varias especies descritas a partir de caracteres morfológicos han sido respaldadas mediante el análisis del gen COI en los últimos 5 años. Por ejemplo, en el género *Gammarus*, las distancias genéticas interespecíficas entre seis especies variaron entre 20.6% a 28.2%, apoyando la delimitación de *G. somaemulensis* Ahn et al., 2022 como una especie nueva basada en caracteres morfológicos (Ahn et al. 2022). Así mismo, *Gammarus sezgini* Baytaşoğlu, 2024 fue delimitada como una especie independiente mediante el método PTP basado en el gen COI (Baytaşoğlu et al. 2024) mientras que *Orchomenella compressa* Wang et al., 2023 fue respaldada como especie válida a partir de análisis filogenéticos (Wang et al. 2023). Estos casos demuestran que ambos enfoques pueden llegar a un consenso. Además, en la actualidad se está haciendo común la práctica de proporcionar la secuencia de ADN del gen COI de las nuevas especies descritas para futuros estudios moleculares (Kodama et al. 2024, Kodama et al. 2022, Arai et al. 2022).

Respecto a los cirrípedos, el género *Acasta*, perteneciente a los cirrípedos balanomorfos simbiontes obligatorios, presenta una notable diversidad. Entre las especies recientemente descritas por Yu et al. (2017) —*A. aspera, A. huangi, A. radenta y A. undulaterga*—, se observa una marcada similitud morfológica, lo que dificulta su delimitación taxonómica. Sin embargo, los analisis filogenéticos basados en los genes mitocondriales COI y ARN ribosomal 12S (12S), permitieron diferenciar claramente estas especies y confirmar su validez taxonómica. Por otro lado, Carrison-Stone et al. (2013) describieron 2 nuevas especies del género *Conopea* (*C. saotomensis* y *C. fidelis*) cuyos análisis filogenéticos basados en los genes COI y histona H3 (H3) confirmaron su estatus como especies. Así mismo, una revisión del género *Conopea* y *Acasta* realizada por Kolbasov et al. (2016), derivó en la realización de una filogenia basada en los datos morfológicos lo

que no se correspondió con la sistemática tradicional de los grupos mencionados. Por lo que los autores enfatizaron que sus conclusiones deberían ser respaldadas por análisis moleculares para reforzar su hipótesis de filogenia actual.

De igual modo, el código de barras de ADN ha demostrado ser una herramienta útil para el estudio de la diversidad en los cangrejos verdaderos (Brachyura). Por ejemplo, el gen COI diferenció al cangrejo pinnotérido *Holothuriophilus trapeziformis* Nauck, 1880 de otras especies relacionadas mediante el método de máxima verosimilitud (Cortés-Carrasco et al. 2022). Por otro lado, Jimenez et al. (2024) corrobora la ocurrencia de cangrejos insulares de la familia ocypodidae en áreas costeras continentales, utilizando evidencia morfológica y molecular basada en el gen COI. Se hipotetizaba que la distribución de estas especies estaba circunscrita a ecosistemas insulares debido a las corrientes oceánicas, consideradas como barreras naturales para la dispersión larval. Además, Marco-Herrero et al. (2021) identificaron larvas megalopa mediante el uso de los genes COI y gen del ARN ribosómico 16S (16S), con el apoyo de bases de datos moleculares de referencia (Genetic Sequence Data Bank (GenBank) y BOLD), complementadas con descripciones morfológicas y comparaciones taxonómicas detalladas.

3.4. Crustáceos asociados a corales gorgónidos en Isla Foca

3.4.1. Biodiversidad de crustáceos en Isla Foca

Isla Foca se encuentra al noroeste del Perú (5°12´S – 81°12´O), frente a Piura, a 800 metros de la costa de la caleta de pescadores “La Islilla”. Su borde litoral es una línea continua de acantilados de hasta 40 metros de altura interrumpidos por sustrato del tipo canto rodado y una playa arenosa en el este de la isla, en la zona submareal predominan arrecifes rocosos extensos que se van interrumpiendo por zonas planas compuestas de

conchuela. Presenta un istmo que la divide parcialmente, lo que le otorga una característica morfológica particular. Además, alberga una alta riqueza faunística representada por mamíferos, aves, reptiles, peces e invertebrados subacuáticos, y es geográficamente un límite de distribución de especies de aves e invertebrados marinos (Hooker et al. 2012).

Está ubicada en la convergencia de 2 provincias marinas; la Provincia del Pacifico Oriental Tropical y la de América del Sur Templada (Spalding et al. 2007), en esta área concurre la corriente marina costera peruana del sur con las aguas ecuatoriales superficiales cálidas del Norte (Moron 2000). Esta característica limítrofe hace posible una zona de mezcla de aguas que resulta en la existencia de un ecotono donde hay un alto recambio de especies (Ibanez-Erquiaga et al. 2018, Hooker 2009). Por ello, en el año 2004 *The Nature Conservancy* (TNC) propuso a Isla Foca como un área de conservación de la biodiversidad marina y en 2008 fue incorporada dentro de las Áreas importantes para la conservación de las Aves (AICA) por *BirdLife International*.

Dos años después, Novoa et al. (2010) publicaron el libro “Isla Foca: Fauna Silvestre” y a la par se elaboró el primer expediente técnico, proponiendo la inclusión de Isla Foca a la Reserva Nacional de Islas, Islotes y Puntas Guaneras (RNSIIPG); sin embargo, la propuesta fue rechazada. Dos años después se volvió a presentar un segundo expediente actualizado, proponiéndola esta vez como un área marina protegida independiente (Hooker et al. 2011), el cual no se aprobó. En el año 2024, el Servicio Nacional de Áreas Naturales Protegidas (SERNANP), que conduce el Sistema de Áreas Naturales Protegidas del Perú, estableció el Área Natural Protegida “Reserva Nacional de Mar Tropical de Grau” que engloba a Isla Foca como un ecosistema insular y zona de transición por presentar un área de alta diversidad biológica, refugio de aves marinas, importancia pesquera y posible endemismo de peces e invertebrados (SERNANP 2024).

Los estudios y registros enfocados en los crustáceos de Isla Foca son limitados. Según la bibliografía revisada, se han identificado: 15 especies del grupo Decapoda – Brachyura con 4 especies no identificadas, 11 especies del grupo Decapoda – Anomura con 5 especies no identificadas, 7 especies del grupo Decapoda – Caridea con 3 especies no identificadas, 3 especies del grupo Cirripedia – Balanomorpha, 1 especie del grupo Amphipoda no identificado, 1 especie del grupo Decapoda – Dendrobranchiata y 1 especie no identificada del grupo Isopoda (Tabla 1). En total se registra 37 especies identificadas y 14 no identificadas. Sin embargo, ninguna de estas ha sido registrada en asociación con los corales gorgónidos.

Tabla 1. Registro de crustáceos en Isla Foca

Grupo biológico	Especie	Referencia
Amphipoda	*Elasmopus* sp.	(Miranda 2023)
Balanomorpha	*Austromegabalanus psittacus* (Molina, 1788)	(Hooker et al. 2012)
	Jhelius cirratus (Darwin, 1854)	(Hooker et al. 2012)
	Notomegabalanus concinnus (Darwin, 1854)	(Miranda 2023)
Anomura	*Allopetrolisthes* sp.	(Miranda 2023)
	Aniculus elegans Stimpson, 1859	(Moscoso 2012)
	Calcinus obscurus Stimpson, 1859	(Hooker et al. 2012)
	Clibanarius cf. *janethaigae*	(Miranda 2023)
	Coenobita compressus H. Milne Edwards, 1837	(Hooker et al. 2012)
	Dardanus sinistripes (Stimpson, 1859)	(Miranda 2023)
	Emerita analoga (Stimpson, 1857)	(Hooker et al. 2012)
	Pachycheles crinimanus Haig, 1960	(Hooker et al. 2012)
	Paguridae sp. 1	(Hooker et al. 2012)
	Paguridae sp. 2	(Hooker et al. 2012)
	Pagurus sp.	(Hooker et al. 2012)
	Petrolisthes cf. *lewisi*	(Hooker et al. 2012)
	Petrolisthes ortmanni Nobili, 1901	(Miranda 2023)
	Pisidia magdalenensis (Glassell, 1936)	(Miranda 2023)
	Polyonyx nitidus Lockington, 1878	(Hooker et al. 2012)
	Porcellanidae sp.	(Hooker et al. 2012)
Brachyura	*Acanthonyx* sp.	(Hooker et al. 2012)
	Cancer cf. *porteri*	(Hooker et al. 2012)
	Cronius ruber (Lamarck, 1818)	(Miranda 2023)
	Grapsus grapsus (Linnaeus, 1758)	(Novoa et al. 2010)
	Heteractaea lunata	(Novoa et al. 2010)
	Inachoides lambriformis (De Haan, 1839)	(Miranda 2023)
	Microphrys weddelli H. Milne Edwards, 1851	(Miranda 2023)
	Ocypode gaudichaudi H. Milne Edwards y Lucas, 1843	(Hooker et al. 2012)
	Pachygrapsus transversus (Gibbes, 1850)	(Hooker et al. 2012)
	Pilumnoides perlatus (Poeppig, 1836)	(Hooker et al. 2012)
	Pinnaxodes sp.	(Hooker et al. 2012)
	Pinnixa transversalis	(Hooker et al. 2012)

Grupo biológico	Especie	Referencia
	Platyxanthus orbignyi (H. Milne Edwards & Lucas, 1842)	(Novoa et al. 2010)
	Portunidae sp.	(Miranda 2023)
	Quadrella nitida Smith, 1869	(Hooker et al. 2012)
	Stenorhynchus debilis (SI Smith, 1871)	(Novoa et al. 2010)
	Teleophrys cristulipes Stimpson, 1860	(Hooker et al. 2012)
	Xanthidae sp.	(Hooker et al. 2012)
	Xantidae sp nov.	(Hooker et al. 2012)
Caridea	*Alpheus* af. *grahami*	(Hooker et al. 2012)
	Alpheus bellimanus Lockington, 1877	(Hooker et al. 2012)
	Caridea sp.	(Hooker et al. 2012)
	Gnathophyllum panamense Faxon, 1893	(Moscoso 2012)
	Hippolytidae 1	(Miranda 2023)
	Latreutes antiborealis Holthuis, 1952	(Miranda 2023)
	Palaemonidae sp.	(Hooker et al. 2012)
	Rhynchocinetes typus H. Milne Edwards, 1837	(Novoa et al. 2010)
	Synalpheus cf. *sanjosei* *S. spinifrons* (H. Milne Edwards, 1837)	(Hooker et al. 2012) (Miranda 2023)
Dendrobranchiata	*Sicyonia picta* Faxon, 1893	(Moscoso 2012)
Isopoda	*Excirolana* sp.	(Hooker et al. 2012)

Estudios sobre crustáceos asociados a corales gorgónidos en Perú no se han elaborado hasta la fecha. La investigación en gorgonias se ha centrado en la taxonomía, lo que ha llevado al descubrimiento de nuevas especies en el proceso, como *Psammogorgia hookeri* Breedy y Guzman, 2014 (Breedy & Guzman 2014). Hasta ahora se han registrado 21 especies de corales gorgónidos, concentrados entre Cabo Blanco y Tumbes, a profundidades de 5 a 25 metros (Tabla 2). En Isla Foca la especie *Muricea fruticosa* Verrill, 1869 es registrada en abundancia (Breedy & Guzman 2016) junto con otros géneros como *Psammorgorgia* y *Leptogorgia* que posiblemente incluyan nuevas especies (comunicado personal, Dra. Odalisca Bredy 2023).

Hasta el momento, la única asociación documentada entre fauna y corales gorgónidos en el mar peruano corresponde al nudibranquio *Tritonia* sp., descrito como un posible depredador de a la especie *Leptogorgia peruviana* (Verrill, 1868) (Uribe et al. 2013). Además de este registro, no existen investigaciones enfocadas en la evaluación de la asociación de la fauna marina con corales gorgónidos.

Tabla 2. Corales gorgónidos registrados en el Perú.

Referencia	Especie	Área del Perú
(Breedy & Guzman 2002)	*Pacifigorgia adamsii* (Verrill, 1868)	Zorritos - Tumbes
	P. darwinii (Hickson, 1928)	Zorritos - Tumbes
	P. douglasii (Hickson, 1928)	Zorritos - Tumbes
	P. stenobrochis (Valenciennes, 1846)	Zorritos - Tumbes
(Breedy & Guzman 2007)	*Leptogorgia peruviana*	Callao
	L. ramulus (Milne Edwards & Haime, 1857)	Zorritos
	L. exigua Verrill, 1870	Zorritos - Tumbes
	L. pumila (Verrill, 1868)	Zorritos - Tumbes
(Breedy et al. 2009)	*Eugorgia ampla* (Verrill, 1864)	Paita - Piura
	E. daniana Verrill, 1868	Cabo Blanco - Piura
	E. nobilis Verrill, 1868	Paita - Piura
	E. purpurascens Verrill, 1868	Zorritos - Tumbes
	E. rubens Verrill, 1868	Paita - Piura
(Breedy et al. 2013)	*E.beebei* Breedy et al., 2013	Paita - Piura
(Breedy & Guzman 2014)	*Psammogorgia hookeri*	Paracas - Ica
(Breedy & Cortés 2015)	*Muricea muricata* (Pallas, 1766)	Perú
	M. horrida Möbius, 1861	Perú (dudoso)
	M. squarrosa Verrill, 1869	Cabo blanco
(Breedy & Guzman 2016)	*M. fruticosa* Verrill, 1869	Perú
	M. formosa Verrill, 1869	Zorritos
	M. austera Verrill, 1869	Perú
	M. crassa Verrill, 1869	Perú
	M. purpurea Verrill, 1864	Perú
	M. plantaginea (Valenciennes, 1846)	Perú
(Horvath 2019)	*M. californica* Aurivillius, 1931	Zorritos - Perú
	E. rubens	Paita -Piura
	E. daniana	Piura
	M. plantaginea	Zorritos
(Breedy & Guzman 2020)	*P. hookery*	Paracas - Ica
(Soler-Hurtado et al. 2016)	*P. stenobrochis*	Perú
	E. daniana	Perú

3.4.2. Aplicación del código de barras en crustáceos de Isla Foca y el Perú

En el Perú el enfoque del código de barras aplicado al estudio de crustáceos es escaso y más aún en Isla Foca. Mendoza (2022) confirma una alta congruencia entre la identificación morfológica y el uso del gen COI para cangrejos porcelánidos de aguas someras, a excepción de tres especies (*Porcellana sayana* (Leach, 1821), *Petrolisthes*

galathinus (Bosc, 1801) y *Petrolisthes armatus* (Gibbes, 1850)). Por otro lado, a profundidades de entre 60 a 100 metros, durante una evaluación poblacional de peces demersales a lo largo del litoral marino peruano, se registro un total de nueve especies de crustáceos de los cuales solo dos se correspondieron con la base de datos moleculares de referencia (GenkBank y BOLD) por encima de un 99% de similitud. Las siete restantes no se pudieron corroborar genéticamente por la ausencia de registros de referencia (Zavalaga et al. 2024). Es relevante señalar que ambos estudios han contribuido con primeros registros para la plataforma BOLD.

En cuanto al estudio taxonómico de crustáceos en la región peruana, su relevancia no se destaca, a menos que se trate de especies comerciales. Además, la falta de especialistas en los taxones mencionados dificulta la realización de una identificación morfológica precisa (Raupach et al. 2015). En este sentido, Ramírez et al. (2020) señalan que, si bien el 42% de los registros de especies del Pacífico Sur Oriental presentes en Ocean Biodiversity Information System (OBIS) cuentan con al menos un código de barras en BOLD, solo el 4.5% de dichos registros corresponden a barcodes públicos generados en países del Pacífico Sur Oriental. De este porcentaje, menor al 1.8% corresponde a crustáceos. Esto resalta la necesidad urgente de integrar el código de barras genético, utilizando el gen COI, para complementar la taxonomía y la conservación de los crustáceos asociados a corales gorgónidos en Perú.

4. Objetivos

4.1. Objetivo general

Generar una base taxonómica molecular para la identificación de crustáceos asociados a corales gorgónidos de Isla Foca, mediante la integración de evidencia morfológica y códigos de barras de ADN.

4.2. Objetivos específicos

1. Caracterizar morfológicamente a los crustáceos asociados a corales gorgónidos hasta el nivel taxonómico más bajo posible (género o especie).

2. Delimitar molecularmente los individuos de crustáceos asociados a corales gorgónidos mediante la obtención de MOTUs, utilizando análisis de distancia genética y métodos de coalescencia a partir de secuencias del código de barras de ADN.

3. Evaluar la correspondencia entre la caracterización morfológica y las MOTUs obtenidas mediante delimitación molecular.

5. Material y Métodos

5.1. Área de estudio

El estudio se realizó en el noreste del Perú, en los alrededores de Isla Foca, departamento de Piura. Las estaciones de muestreo se ubicaron a 800 metros de la costa, frente a la caleta de pescadores “La Islilla”, en los sectores norte, este y sur de la isla, y se llevaron a cabo entre las 10:00 y 12:00 horas (Figura 5). Estas se escogieron por la abundancia de formaciones rocosas en la zona submareal, este tipo de sustrato es considerado idóneo para el establecimiento de los corales gorgónidos (Cúrdia et al. 2015). Debido a la ausencia de estudios previos que describan o delimiten las áreas de distribución de gorgonias en Isla Foca, las zonas se localizaron por referencia de los buzos y pescadores artesanales y por el inventario preliminar de Hooker et al. (2012). Las coordenadas exactas de las estaciones de muestreo, profunidad y número de colonias por estación se presentan en la (Tabla 3). Las muestras de crustáceos y corales gorgónidos se colectaron a inicios de primavera, en el mes de setiembre, con la autorización de acceso emitida por el Ministerio de la Producción (PRODUCE) mediante la resolución directoral Nº 00432-2020-PRODUCE/DGPCHDI.

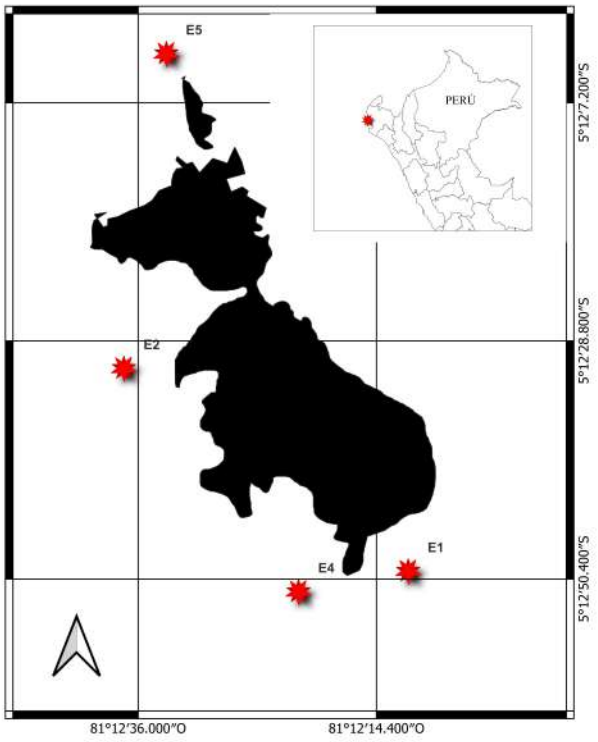


Figura 5. Estaciones de muestreo en Isla Foca

Tabla 3. Ubicación geográfica de las estaciones de muestreo en Isla Foca, correspondiente a los corales gorgónidos colectados el 11 de setiembre del 2020

Estación	Colonias	Coordenadas geográficas	Profundidad (metros)
E1	01	5°12'49.68"S – 81°12'11.52"O	16
E2	06	5°12'31.28"S – 81°12'37.29"O	6-7
E4	04	5°12'51.55"S – 81°12'21.46"O	15
E5	02	5°12'2.74"S – 81°12'33.44"O	16

5.2. Material biológico

El material biológico analizado incluyó 13 colonias de gorgonias y todos los crustáceos asociados. Las colonias de gorgonias y crustáceos fueron depositadas en la colección científica del Instituto de Mar del Perú (IMARPE).

5.3. Diseño de muestreo y técnica de colecta del material biológico

El número de colonias de gorgonias colectadas por estación y profundidad se visualizan en la Tabla 3. Se colectaron los morfotipos de colonias en forma de arbusto con una altura aproximada de entre 15 a 20 cm en cada estación de muestreo debido a que este morfotipo alberga mayor cantidad de crustáceos en comparación con otros (Soler et al. 2018). El número de colonias y tamaño se consideran representativos, basado en el trabajo realizado por Soler et al. (2018) en la costa de Ecuador, siendo este estudio el más cercano geográficamente a Isla Foca.

El desplazamiento a las 4 estaciones de muestreo se realizó entre las 9:00 y 14:00 horas a bordo de botes artesanales y se usó la técnica del buceo autónomo para adentrarse al mar. Una vez localizadas las colonias, se procedió a colectarlass siguiendo el método descrito por Britayev et al. (2017), este se basa en cubrir por completo una colonia de gorgonia con una bolsa ziploc y ajustar la bolsa en el área basal de la colonia adherida al sustrato para luego arrancar toda la colonia. De este modo, se evitó el escape de la fauna asociada (Figura 6).



Figura 6. Muestreo de la colonia escleractinia *Pocillopora verrucosa*. Figura tomada de Britavey et al. (2017)

5.4. Procesamiento morfológico

5.4.1. Procesamiento de los corales gorgónidos

Finalizada la colecta, se reemplazo el agua de mar con alcohol etílico a 96° para la conservación del material biológico. En laboratorio, de cada coral gorgónido se extrajo un trozo pequeño del tejido del cenénquima para ser diluído en lejía al 50% y luego este fue enjuagado en agua destilada para la obtención de los escleritos. Estos son estructuras sólidas calcáreas de diversas formas que se encuentran en el cenénquima de los corales gorgónidos y que son objeto de identificación taxonómica del grupo de los Cnidarios (Bayer et al. 1983).

5.4.2. Procesamiento de los crustáceos

Los especímenes (anfípodos, camarones, cirrípedos y cangrejos) fueron separados de las colonias de gorgonias utilizando pinzas de relojero, hojas de bisturí y agua corriente. Posteriormente, se usó un limpiador ultrasónico genérico durante 1 a 10 segundos sobre algunos cangrejos y cirrípedos, con el objetivo de eliminar la materia orgánica adherida al exoesqueleto o placas externas. Este procedimiento adicional se aplicó debido a que la eliminación manual mediante el uso de pinzas podía provocar la ruptura o deformación de estructuras diagnósticas para la identificación taxonómica. Una vez completada la limpieza, todos los especímenes se fijaron en alcohol etílico al 96% para su posterior análisis. En el caso de las placas operculares de los cirrípedos, estas recibieron una limpieza adicional en una solución de lejía al 10% durante 1.5 horas y junto a las placas externas se resguardaron en seco.

El estudio morfológico y la disección se realizaron bajo un estereoscopio Leica IZ100 y un microscopio Nikon 100, empleando pinzas de relojero y jeringas de tuberculina.

En algunos casos, se usó glicerina para facilitar la manipulación de apéndices de los anfípodos. Las estructuras fueron fotografiadas con los programas LAZ EZ y ToupView, y las imágenes obtenidas se editaron posteriormente en Adobe Photoshop CS5.

5.5. Identificación taxonómica

5.5.1. Identificación de los corales gorgónidos

La identificación taxonómica al nivel más bajo posible se realizó con base en las referencias bibliográficas (Breedy & Guzman 2007, Breedy & Guzman 2020, Soler-Hurtado et al. 2016, Bayer et al. 1983). Para ello, se consideraron las dimensiones morfológicas, la forma y patrón de ramificación, la disposición de pólipos, el tipo de esclerito dominante, los cortes longitudinales y transversales, asi como las características y tamaño de los tipos de escleritos. Estos caracteres fueron tomados como referencia de la tabla 1 descrita por Breedy y Guzman (2007), tabla 1 y 2 de Breedy y Guzman (2020), y la tabla 2 descrita por Soler-Hurtado et al. (2016).

Asimismo, se consultaron los registros actualizados de gorgonias del mar peruano (Tabla 2). Y para no caer en errores de identificación se hizo la consulta pertinente a la especialista Dra. Odalisca Breedy Shadid (Centro de Investigación en Estructuras Microscópicas - Centro de Investigación en Ciencias del Mar y Limnología, Escuela de Biología, Universidad de Costa Rica, San José, Costa Rica).

5.5.2. Identificación de crustáceos

La identificación taxonómica al nivel más bajo posible se realizó mediante el uso de descripciones, claves taxonómicas y revisiones específicas de la literatura.

Amphipoda. Para los géneros *Stenothoe, Caprella, Elasmopus*, *Podocerus* y la fami-

lia Pleustidae, se consultaron diversas fuentes. En el caso de *Stenothoe* cf. *georgiana*, se recurrió a Pérez-Schultheiss y Ibarra (2017), Krapp-schickel (2006), Lecroy (2011) y Bynum y Fox (1977). Para *Caprella scaura* (sensu lato), se consultó a Guerra-García y Thiel (2001). Para *Elasmopus* cf. *rapax*, a Hughes y Lowry (2010), Barnard (1979) y Lecroy (2000). Para *Podocerus* sp., a Lecroy (2011), Barnard y Karaman (1991), y Laubitz (1983). Adicionalmente, para este último género, se revisaron 29 documentos publicados entre 1875 y 2022, los cuales abarcan las descripciones de las 62 especies reconocidas del género *Podocerus*, según el registro en World Register of Marine Species (WoRMS). Para la familia Pleustidae se consultó a Lecroy (2011) y Bousfield y Hendrycsks (1994).

La terminología empleada para la caracterización de todas las partes del cuerpo se basó en Lecroy (2000), mientras que la clasificación sistemática siguió a Lowry y Myers (2013, 2017). Además, a lo largo del proceso de identificación de los individuos, se realizaron consultas al especialista Ph. D. Jorge Pérez-Schultheiss (Área Zoología de Invertebrados, Museo Nacional de Historia Natural, Santiago, Chile) con el objetivo de evitar errores de identificación o el mal uso de términos en la caracterización, a excepción de los caprélidos, que se consultó al Ph. D. José Manuel Guerra García (Departamento de Zoología, Universidad de Sevilla, Sevilla, España).

Caridea. Para la identificación de la especie *Synalpheus spinifrons* (H. Milne Edwards, 1837) se consulto a Méndez (1981) y Holthuis (1951). La clasificación sistemática siguió a De Grave et al. (2009).

Cirripedia. Para la identificación del género *Conopea* se consultó a Kolbasov et al. (2016), Carrison-Stone et al. (2013) y Yu et al. (2017). Para la subfamilia Archaeobalaninae, se consultó a Newman y Ross (1976). La terminología usada para la caracterización

de las placas externas y operculares se basó en el estudio de Celis (2007), mientras que para los procesos finos de las piezas bucales y cirros se siguió a Henry y McLaughlin (1975) y en el caso de la denominación de las setas, se siguió la nomenclatura propuesta por Chan et al. (2008), manteniendo los términos en inglés y entre comillas. La clasificación sistemática siguió a Chan et al. (2021). Además, se realizaron las consultas pertinentes al especialista Ph. D Gregory A. Kolbasov (Estación Biológica del Mar Blanco, Facultad de Biología, Universidad Estatal de Moscú, 119991, Moscú, Rusia) en todo el proceso de identificación, con el objetivo de evitar errores de identificación o uso incorrecto de la terminología.

Brachyura. Para *Teleophrys tumidus* (Cano, 1889) se consultaron Rathbun (1925), Garth (1958), Windsor y Felder (2014) y Ortiz (2022). La identificación de *Acanthonyx* sp. se basó en Rathbun (1925) y Tamburus y Mantelatto (2016). Para *Pilumnus* sp. se utilizaron Rathbun (1930) y Naderloo (2017). La especie *Stenorhynchus debilis* (SI Smith, 1871) se identificó con base en Rathbun (1925). La clasificación sistemática de todos los taxones siguió a De Grave et al. (2009). Además, se realizaron consultas al especialista Ph. D Manuel Ortiz (Laboratorio de crustáceos, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México) en todo el proceso de identificación, con el objetivo de evitar errores de identificación o uso incorrecto de la terminología.

5.6. Registro fotográfico

Una vez identificados los especímenes, se escogió a los individuos que serían procesados para la extracción de ADN con el objetivo de realizar un registro fotográfico de cuerpo completo y estructuras morfológicas de interés para luego continuar con el proceso molecular. Este procedimiento fue posible gracias al software LEICA Application Suite (LAZ) EZ Version 3.4. usando un microscopio de disección marca Leica modelo Stere-

zoom S9i. En el caso de estructuras morfológicas más pequeñas fue necesario usar el software ToupView usando un microscopio óptico marca Icoe modelo EB2900L.

Por último, todos los especímenes seleccionados fueron etiquetados con tres etiquetas que incluían los datos de colecta según el formato de la colección científica, el código de identificación BOLD (Sample ID) y el nombre científico del género o especie.

5.7. Procesamiento molecular

5.7.1. Extracción de ADN

El ADN se extrajo de los pereópodos y/o pleópodos, y en algunas ocasiones se uso todo el organismo completo, de entre uno a cinco especímenes por especie o género (en caso no haber podido identificar hasta el mínimo nivel taxonómico) usando los kit de extracción “Wizard SV Genomic” (Anexo B), “Genomic DNA from INSECTA” (siguiendo las especificaciones de los fabricantes), extracción con solución salina (Anexo C) y por el protocolo de extracción de ADN HOT-SHOT (Anexo D) La asignación de los métodos de extracción empleados para cada muestra se detalla en la Tabla 4. La cuantificación y pureza del ADN se evaluo usando un espectrofotómetro Nanodrop de la marca Thermo Fisher Scientific, tomando como referencia los valores de la relación de absorbancia $\frac{260nm}{280nm}$.

Tabla 4. Protocolos de extracción de ADN para cada muestra

Código de laboratorio	Especie	Protocolo
R-0399	*Synalpheus spinifrons*	Wizard SV Genomic
R-0372	*Stenorhynchus debilis*	Genomic DNA from INSECTA
R-0373	*Teleophrys tumidus*	Genomic DNA from INSECTA
R-0375	*Teleophrys tumidus*	Genomic DNA from INSECTA
R-0382	*Teleophrys tumidus*	Genomic DNA from INSECTA
R-0383	*Teleophrys tumidus*	Genomic DNA from INSECTA
R-0384	*Teleophrys tumidus*	Genomic DNA from INSECTA
R-0385	*Teleophrys tumidus*	Genomic DNA from INSECTA
R-0387	*Teleophrys tumidus*	Wizard SV Genomic
R-0378	*Acanthonyx* sp.	Wizard SV Genomic
R-0386	*Pilumnus* sp.	Genomic DNA from INSECTA
R-0376	*Conopea* sp.	Wizard SV Genomic
R-0377	*Conopea* sp.	Wizard SV Genomic
R-0839	*Conopea* sp.	Extracción salina
R-0840	*Conopea* sp.	Extracción salina
R-0842	*Conopea* sp.	HOT-SHOT
R-0841	Archeobalaninae	HOT-SHOT
R-0843	Archeobalaninae	HOT-SHOT
R-0624	*Stenothoe* cf. *georgiana*	Genomic DNA from INSECTA
R-0631	*Stenothoe* cf. *georgiana*	Wizard SV Genomic
R-0632	*Stenothoe* cf. *georgiana*	Wizard SV Genomic
R-0397	*Stenothoe* cf. *georgiana*	Wizard SV Genomic
R-0398	*Stenothoe* cf. *georgiana*	Wizard SV Genomic
R-0395	*Stenothoe* cf. *georgiana*	Wizard SV Genomic
R-0380	*Caprella scaura* s.l.	Genomic DNA from INSECTA
R-0381	*Caprella scaura* s.l.	Genomic DNA from INSECTA

5.7.2. Amplificación y secuenciación del gen COI

La amplificación del fragmento del gen COI se llevo a cabo mediante la técnica de la reacción de la polimerasa (PCR) (Saiki et al. 1988), utilizando los primers ZplankF1_t1: 5' TCTASWAATCATAARGATATTGG 3' y ZplankR1_t1: TTCAGGRTGRCCRAARAATCA 3' publicados por Prosser et al. (2013), asi como los primers LCO 1490: 5´ GGTCAA-

CAAATCATAAAGATATTGG 3' y HCO2180: 5' TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA 3' publicados por Folmer et al. (1994). La reacción de PCR se realizó en un volumen final de 15 μL, utilizando 1X PCR buffer, 0.4 μM de cada primer, 0.25 mM de dNTPs, y concentraciones finales de $MgCl_2$ que variaron entre 0.5 mM y 1.5 mM. Se emplearon cantidades de Taq polimerasa entre 0.5 U y 1 U, usando las polimerasas PCRBIO Ultra Polymerase (PCR Biosystems) y KAPA Taq (KAPA Biosystems). En algunas reacciones, se añadió trehalosa al 20% para favorecer la amplificación. Los detalles específicos de las concentraciones y combinaciones utilizadas por muestra se presentan en el Anexo E.

La reacción se realizó con una temperatura de desnaturalización inicial de 95℃ x 5 minutos, seguida de 30 ciclos: 1) desnaturalización de 95℃ x 30 segundos, 2) alineamiento de 47℃ a 52℃ x 30 segundos y 3) extensión de 72℃ x 45 segundos. Por último, se aplicó una extensión final de 72℃ x 5 minutos. La metodología indicada es un protocolo estándar modificado del Laboratorio de Bioinformática y Genómica de la Biodiversidad de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos.

Para saber que productos de PCR amplificaron, se hizo una corrida horizontal en gel de agarosa al 1% mezclado con 1.5 μL del colorante SYBR SAFE en una solución de tampón de corrida TBE. A cada pocito se le agrego 3 μL del producto de la PCR mezclado con 1.5 μL de buffer de carga. Finalmente, se corrió a 70 voltios por 30 minutos y se visualizaron las bandas en un transluminador de luz azul proBLUEVIEW de la marca Cleaver Scientific. Además, los geles fueron cargados con controles positivos y negativos; el control positivo correspondió a la muestra R-0376, mientras que el control negativo consistió en agua libre de ADN. Adicionalmente, se empleó un marcador de peso molecular GeneRuler 100 bp DNA Ladder.

Los productos de PCR positivos fueron purificados con polietilenglicol (PEG) (Anexo F) y luego se enviaron a la compañía MACROGEN KOREA (www.macrogen.com) para su secuenciación.

5.7.3. Ensamblaje y alineamiento de las secuencias

Después de la secuenciación, se ensamblaron los electroferogramas F y R, se removieron los primers y las regiones de baja calidad, y finalmente se realizó una revisión manual. Para ello, se utilizó el programa CodonCode Aligner (www.codoncode.com/aligner/). Los contigs generados se alinearon usando el alineamiento multiple ClustalW (Thompson et al. 1994) en el programa Bioedit (Hall 1999).

5.8. Delimitación molecular

5.8.1. Asignación de las secuencias de ADN a los taxones de la biblioteca de referencia de BOLD

Las secuencias de ADN obtenidas de las especies identificadas fueron comparadas contra la base de datos de BOLD el 15 de agosto del 2025, específicamente en la *Animal Library (Public+Private)*, la cual, hasta la fecha indicada, contenía 9,674,085 secuencias no redundantes del gen COI-5P, con una longitud mínima de 500 pb dentro de la región estándar de código de barras de 648 pb. Para la búsqueda, se utilizó el modo de funcionamiento *Exhaustive Search*, requerido para asignaciones a nivel de subfamilia o superiores. Los parámetros de búsqueda empleados fueron: profundidad de búsqueda del 85% de similitud, máximo de 100 coincidencias por secuencia, superposición mínima de 100 pb y un límite de 100 secuencias por consulta. Adicionalmente, las secuencias fueron comparadas con los registros del National Center for Biotechnology Information (NCBI) mediante la herramienta BLASTn. Esta comparación permitió evaluar la concor-

dancia de la identificación taxonómica y detectar posibles diferencias o similitudes con secuencias previamente depositadas en GenBank o BOLD.

5.8.2. Construcción de la base de datos del código de barras en la plataforma BOLD

Toda la información generada por cada "voucher" fue almacenada en el proyecto de información privada "Los arrecifes rocosos del norte de Peru: Estudiando y conservando la ictiofauna a través de ADN barcoding [INMAR]" de la plataforma BOLD. Información de los especímenes; como fotografías, SampleID, lugar de colecta, sexo, estadio de ciclo de vida, colección científica de resguardo, notas taxonómicas y notas ecológicas se visualizan en el anexo G mientras que la información acerca de los "primers" usados, cromatogramas y secuencias consenso del código de barras de ADN en el anexo H. Así mismo, la plataforma BOLD nos permite visualizar la información general los registros obtenidos (Anexo I).

5.8.3. Análisis molecular de las secuencias

Con las secuencias moleculares obtenidas se elaboró inicialmente un cladograma por el método estadístico Neighbor-joining (NJ) (Saitou & Nei 1987) basado en las distancias intraespecíficas e interespecíficas calculadas por el modelo de sustitución nucleotídica Kimura 2 parámetros (K2P) (Kimura 1980) usando 1000 remuestreos de bootstrap (Felsenstein 1985) en el programa MEGA X (Kumar et al. 2018). Este análisis sirvió para evaluar preliminarmente el agrupamiento de las secuencias conforme fueron siendo generadas.

Para el análisis de delimitación de especies se aplicaron tres métodos: GMYC, PTP y bPTP. Se diferencian en el tipo de árbol filogenético de entrada y en el criterio emplea-

do para reconocer los límites entre especies candidatas. GMYC identifica el punto de transición entre procesos de diversificación interespecífica y coalescencia intraespecífica a partir de una árbol filogenético ultramétrico, por lo que requiere una calibración del tiempo o tiempo relativo para la filogenia (Pons et al. 2006). PTP utiliza las longitudes de rama de un árbol filogenético no ultramétrico, que modela los eventos de especiación en función a la tasa de sustitución, sin requerir una calibración temporal (Zhang et al. 2013). Finalmente, bPTP corresponde a la implementación bayesiana del modelo PTP, en la cual se emplea MCMC para estimar la probabilidad posterior de las delimitaciones obtenidas (Zhang et al. 2013). Para llevar a cabo estos métodos, se construyó un árbol ultramétrico calculado por el método de inferencia bayesiana empleando el programa Beast 2.7. Para ello, se utilizó el modelo de reloj relajado log-normal, un modelo de nacimiento y muerte, y un modelo de sustitución, seleccionados mediante el programa jModelTest 2. El análisis se llevó a cabo mediante el método de cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC) con longitudes que variaron entre 100 y 1690 millones de generaciones, dependiendo del grupo analizado. Las muestras fueron tomadas a intervalos que oscilaron entre cada 10000 y 84500 iteraciones, y en todos los casos se descartó el 10% inicial de las generaciones como "burn-in". La convergencia y el tamaño de muestra adecuado (superior a 200) fueron verificados utilizando el programa Tracer v. 1.7. Adicionalmente, se realizó el análisis *barcode gap* entre las secuencias del estudio. Por último, se hizo una comparación de los resultados con las secuencias de referencia depositadas en BOLD y GenBank. Como criterio de selección para evaluar la calidad de las secuencias de referencia, se consideraron aquellas secuencias con más de 550 pb, presencia de electroferogramas de buena calidad y/o su inclusión en un artículo científico. En particular:

1. Se priorizaron las secuencias que cumplen con los tres criterios: longitud adecuada, electroferogramas de buena calidad y respaldo en una publicación científica.

2. En ausencia de electroferogramas, pero con indexación en un artículo, las secuencias también fueron consideradas.

3. No se consideraron las secuencias con electroferogramas de baja calidad, incluso si se encuentran indexadas en un artículo científico.

4. Aquellas con electroferogramas de buena calidad, pero sin respaldo en un artículo, fueron incluidas en el análisis.

5. Secuencias que carecían tanto de electroferogramas como de respaldo en una publicación científica fueron descartadas.

6. En el caso de las secuencias de *Caprella scaura* (sensu lato), debido a la gran cantidad de registros disponibles en las bases de datos (más de 700 secuencias), se seleccionó una submuestra representativa compuesta por 4 a 5 secuencias por BIN y por región geográfica, abarcando todas las variantes reconocidas dentro del grupo sensu lato.

Este filtro de calidad de las secuencias se realizó mediante un script en el software R utilizando el entorno RStudio. El código empleado está disponible en GitHub: https://github.com/Nadador-max/script-filtro-calidad/blob/main/bold.R. Así mismo, en el anexo N se encuentran los registros de todas las secuencias de las bases de datos para la evaluación de este estudio con su respectivo *processid*, *genbankaccession* y ubicación geográfica.

6. Resultados

6.1. Identificación y caracterización morfológica

6.1.1. Identificación de las colonias de gorgonias

Se colectaron un total de 13 colonias de gorgonias pertenecientes a los géneros *Psammogorgia* y *Leptogorgia*, con alturas que oscilaron entre 109 mm y 205 mm, y anchos entre 50 mm y 200 mm (Tabla 5). Los detalles comparativos de las características de ambos géneros se presentan en los Anexos J, K y L. Asimismo, se incluye una figura que muestra los caracteres utilizados para la identificación de una de las colonias de gorgonias como ejemplo representativo (Anexo M). La zona sur del área de muestreo se caracterizó por corrientes marinas intensas y una mayor abundancia de colonias de gorgonias. Específicamente en la E4 se visualizó la presencia de agregaciones de esponjas. La zona este presentó corrientes marinas mansas y las colonias mas distantes unas de otras, acompañadas de agregaciones de macroalgas. Finalmente, la zona norte se caracterizó por ser un bajo extenso, alrededor de las colonias se visualizó abundancia de los cirrípedos picos de loro y erizos.

Tabla 5. Colonias de gorgonias identificadas

Código de campo	Voucher colección científica	Especie	Altura (mm)	Ancho (mm)
E1-01	06-000386	*Psammogorgia* cf. *teres*	109	150
E2-01	06-000378	*Leptogorgia* sp. 1	145	91
E2-02	06-000385	*Psammogorgia* cf. *teres*	165	100
E2-03	06-000384	*Psammogorgia* cf. *arbuscula*	175	140
E2-04	06-000380	*Leptogorgia* sp. 1	136	68
E2-05	06-000383	*Psammogorgia* cf. *arbuscula*	125	94
E2-06	06-000377	*Leptogorgia* sp. 1	120	50
E4-01	06-000376	*Leptogorgia* sp. 2	205	200
E4-02	06-000382	*Psammogorgia* cf. *arbuscula*	138	114
E4-03	06-000375	*Leptogorgia* sp. 1	142	120
E4-04	06-000387	*Leptogorgia* sp. 2	156	155
E5-01	06-000379	*Leptogorgia* sp. 3	141	54
E5-02	06-000381	*Leptogorgia* sp. 3	132	80

6.1.2. Identificación y caracterización morfológica de crustáceos

En total se registraron 242 individuos asociados a 11 de los 13 corales gorgónidos, distribuidos en 12 taxones identificados mediante morfología tradicional. Los organismos identificados corresponden a: *Synalpheus spinifrons*, *Stenorhynchus debilis*, *Teleophrys tumidus*, *Stenothoe* cf. *georgiana*, *Caprella scaura* (sensu lato), *Elasmopus* cf. *rapax*, *Acanthonyx* sp., *Conopea* sp., *Pilumnus* sp., *Podocerus* sp., subfamilia Archaeobalaninae y la familia Pleustidae (Tabla 6).

El taxón más abundante fue el orden Amphipoda con 217 individuos. Este orden estuvo representado por *Caprella scaura* (sensu lato), con 134 individuos; *Stenothoe* cf. *georgiana*, con 64 individuos; *Podocerus* sp., con 18 individuos; y *Elasmopus* cf. *rapax* con 2 individuos. Además, se registró un único individuo perteneciente a la familia Pleustidae.

Los decápodos braquiuros estuvieron representados por 13 individuos pertenecien-

tes a los taxones *Acanthonyx* sp., *Pilumnus* sp. y las especies *Teleophrys tumidus* y *Synalpheus spinifrons*. Cada uno de estos taxones estuvo representado por un solo individuo, excepto *Teleophrys tumidus*, de la cual se registraron 9 ejemplares. Asimismo, se identificó un individuo de decápodo carídeo correspondiente a la especie *Synalpheus spinifrons*. Por último, los cirrípedos estuvieron representados por 10 individuos pertenecientes a los taxones *Conopea* sp. y la subfamilia Archaeobalaninae sp., con 8 individuos y 2 individuos respectivamente.

Tabla 6. Grupos de crustáceos registrados e identificados mediante caracteres morfológicos. Los valores númericos entre paréntesis hacen referencia a los códigos de laboratorio para cada colonia de gorgonia

Coral gorgónido	Taxón	Especie	Ind
Psammogorgia cf. *arbuscula* (382)	Brachyura	*Teleophrys tumidus*	1
Psammogorgia cf. *arbuscula* (383)	Cirripedia	Archaeobalaninae sp.	2
	Cirripedia	*Conopea* sp.	1
	Brachyura	*Teleophrys tumidus*	1
	Brachyura	*Pilumnus* sp.	1
	Amphipoda	*Stenothoe* cf. *georgiana*	36
	Caridea	*Synalpheus spinifrons*	1
Psammogorgia cf. *arbuscula* (384)	Cirripedia	*Conopea* sp.	7
	Amphipoda	*Elasmopus* cf. *rapax*	2
	Amphipoda	*Stenothoe* cf. *georgiana*	28
Psammogorgia cf. *teres* (385)	Amphipoda	*Podocerus* sp.	6
	Brachyura	*Stenorhynchus debilis*	1
Psammogorgia cf. *teres* (386)	Brachyura	*Teleophrys tumidus*	1
Leptogorgia sp. 2 (387)	Amphipoda	*Caprella scaura* (sensu lato)	2
	Brachyura	*Teleophrys tumidus*	4
Leptogorgia sp. 1 (375)	Amphipoda	*Caprella scaura* (sensu lato)	16
Leptogorgia sp. 2 (376)	Amphipoda	*Caprella scaura* (sensu lato)	36
	Brachyura	*Teleophrys tumidus*	1
	Amphipoda	Pleustidae	1
	Amphipoda	*Podocerus* sp.	12
Leptogorgia sp. 3 (379)	Amphipoda	*Caprella scaura* (sensu lato)	8
Leptogorgia sp. 1 (380)	Amphipoda	*Caprella scaura* (sensu lato)	2
Leptogorgia sp. 3 (381)	Brachyura	*Acanthonyx* sp.	1
	Amphipoda	*Caprella scaura* (sensu lato)	70
	Brachyura	*Teleophrys tumidus*	1
Leptogorgia sp. 1 (377)	-	-	-
Leptogorgia sp. 1 (378)	-	-	-

Sistemática

Orden **Decapoda** Latreille, 1802

Suborden **Pleocyemata** Burkenroad, 1963

Infraorden **Caridea** Dana, 1852

Superfamilia **Alpheoidea** Rafinesque, 1815

Familia **Alpheidae** Rafinesque, 1815

Género **Synalpheus** Bate, 1888

1. ***Synalpheus spinifrons*** (H. Milne Edwards, 1837)

Rostro 1.5 veces más largo que las espinas orbitales, alcanza la distancia del primer segmento del pedúnculo antenular pero las espinas orbitales más pequeñas que este (Figura 7C). El primer segmento del pedúnculo antenular es el más grande, seguido por el segundo, que es más grande que el tercero; el estilocerito alcanza la mitad del segundo segmento antenular; El basicerito tiene una espina superior corta y una espina lateral que alcanza a la altura del primer segmento antenular; el escafocerito tiene una espina lateral larga que sobrepasa al pedúnculo antenular y que alcanza el tamaño del carporecito; la lámina del escafocerito más pequeño que la espina lateral (Figura 7F, G). Presencia de un ángulo pterigostomiano agudo y una muesca ubicada en el margen posterior del cefalotórax (Figura 7D, E). Telson más corto que los urópodos, con presencia de 4 pares de espinas; 2 pares ubicadas en la zona dorsal media con una distribución simétrica separadas unas de otras; y los otros 2 pares ubicados en cada extremo del margen posterolateral, con las espinas de cada par adyacentes entre sí, siendo la espina externa más corta que la espina interna; filas de setas largas que nacen del margen posterior (Figura 8A). La rama externa del urópodo con un corte transversal que posee 3 espinas en el margen anterolateral (Figura 8B). El primer par de pereópodos quelados fuertemente desiguales en tamaño; la palma de la quela mayor, robusta y lisa con un

margen distal superior con una protuberancia roma pequeña (Figura 8C, D). El segundo par de pereópodos quelados de igual tamaño con el carpo dividido en 5 segmentos (Figura 8E). Dáctilo bífido de los pereópodos (tercero al quinto par), la garra proximal más corta y robusta que la garra distal. (Figura 8F).

Material examinado: R-0399.

Distribución geográfica: Caleta La Cruz (Perú) a Iquique (Chile). (Moscoso 2012).

Hábitat: Playas y fondos areno pedregosos y en aguas someras cerca de las islas. Llega hasta 55 m de profundidad (Méndez 1981, Moscoso 2012).

Coral gorgónido: *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000383).

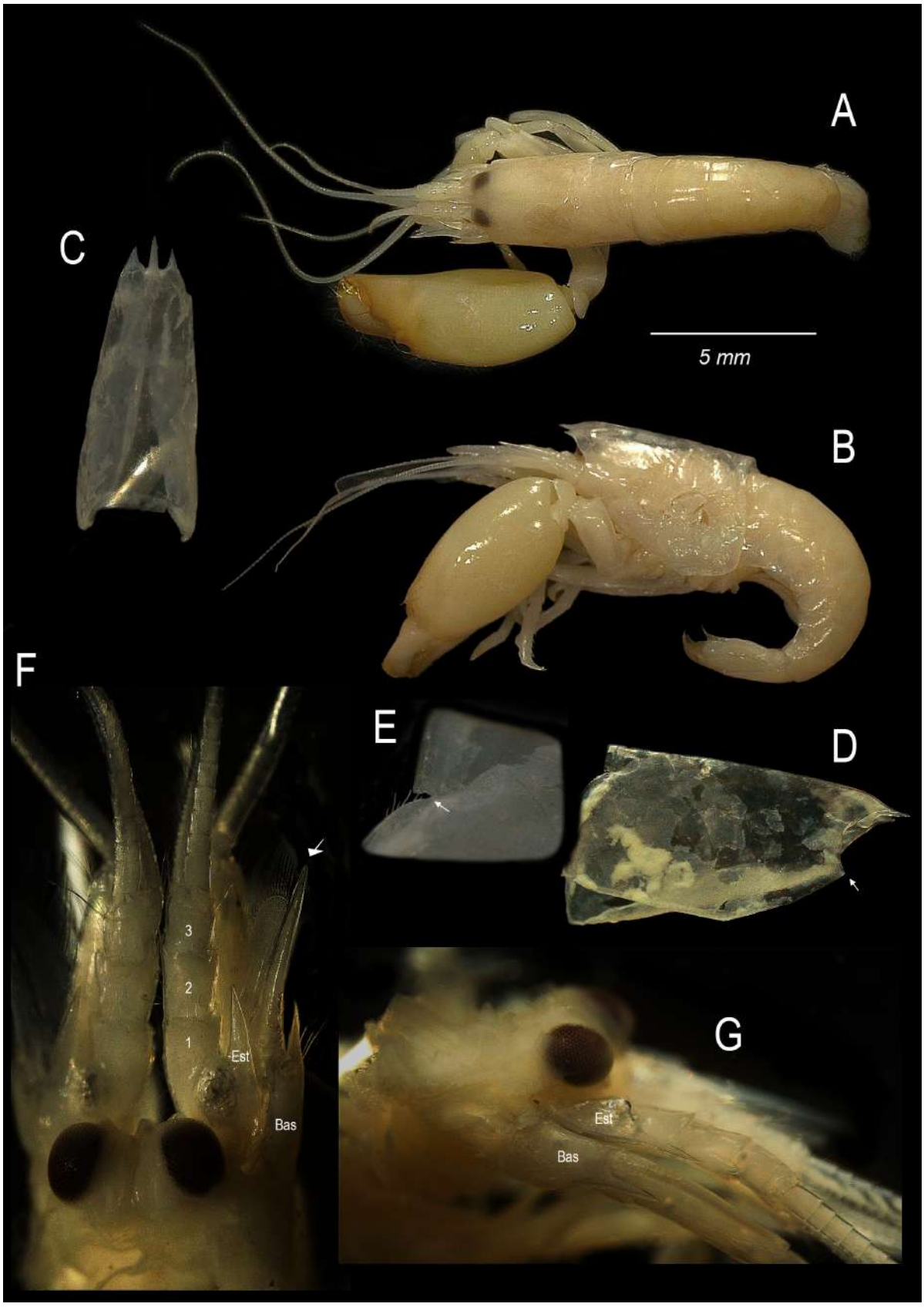


Figura 7. *Synalpheus spinifrons*. **A – H)** Individuo R-0399. **A)** Vista dorsal. **B)** Vista lateral. **C)** Vista dorsal del cefalotórax. **D)** Vista lateral del cefalotórax; la flecha blanca indica el ángulo. **E)** Margen posterior del cefalotórax; la flecha blanca indica la muesca. **F)** Región anterior en vista dorsal; 1, 2 y 3 indican los segmentos del pedúnculo antenular, Est = Estilocerito, Bas = Basicerito, la flecha blanca indica el Escafocerito. **G)** Región anterior en vista lateral.

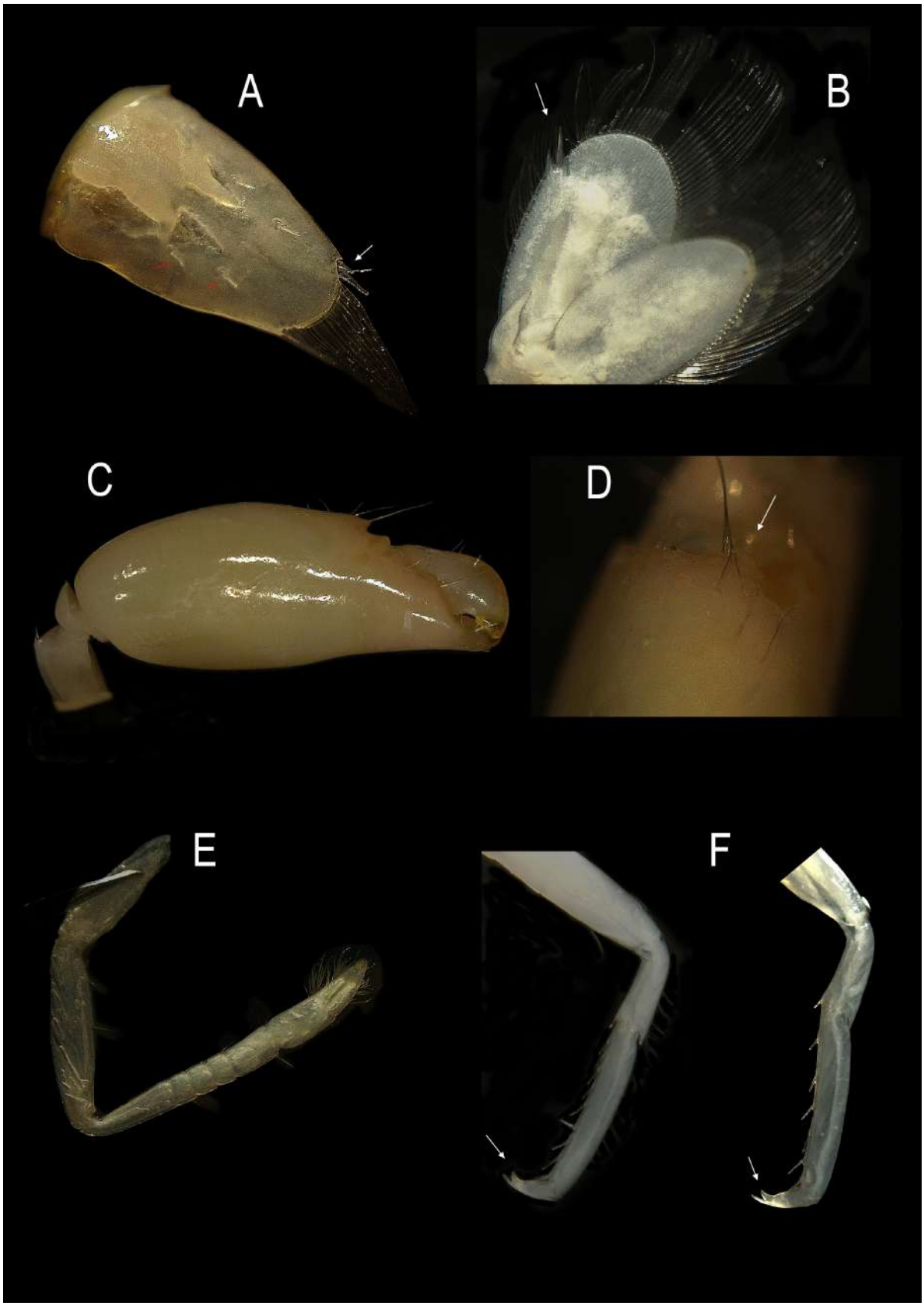


Figura 8. *Synalpheus spinifrons*. **A – F)** Individuo R-0399. **A)** Telson; flecha blanca indica espinas en el margen posterolateral, flechas rojas indica espinas en la zona dorsal. **B)** Urópodo externo, flecha indica espinas. **C)** Pereópodo izquierdo del primer par más grande. **D)** Margen distal superior de la palma del pereópodo más grande. **E)** Segundo pereópodo. **F)** Tercer y quinto pereópodo; las flechas indican el dáctilo bífido.

Infraorden **Brachyura** Linnaeus, 1758

Sección **Eubrachyura** de Saint Laurent, 1980

Subsección **Heterotremata** Guinot, 1977

Superfamilia **Majoidea** Samouelle, 1819

Familia **Inachidae** MacLeay, 1838

Género **Stenorhynchus** Lamarck, 1818

2. ***Stenorhynchus debilis*** (SI Smith, 1871)

Cefalotórax pubescente, alargado y de forma triangular con presencia de abultamientos en la región branquial; rostro largo y ligeramente ascendente de una longitud igual al largo del cefalotórax con presencia de espinas en los márgenes; pereópodos alargados y pubescentes; ojos prominentes y pedunculados (Figura 9A) quelas simétricas y alargadas, con la superficie prensil pubescente (Figura 9C) pequeña espina al final del artículo basal de la antena (Figura 9D).

Material examinado: Individuo macho (R-0372).

Distribución geográfica: desde Baja California (México) hasta Valparaíso (Chile), incluyendo las Islas del Coco (Costa Rica) y Galápagos (Ecuador) (Moscoso 2012).

Hábitat: Desde el submareal hasta los 120 metros de profundidad, habita en sustratos fangosos, arenosos y rocosos, así como en algas, particularmente *Sargassum*, y en corales vivos (Moscoso 2012).

Coral gorgónido: *Psammogorgia* cf. *teres* (06-000385).

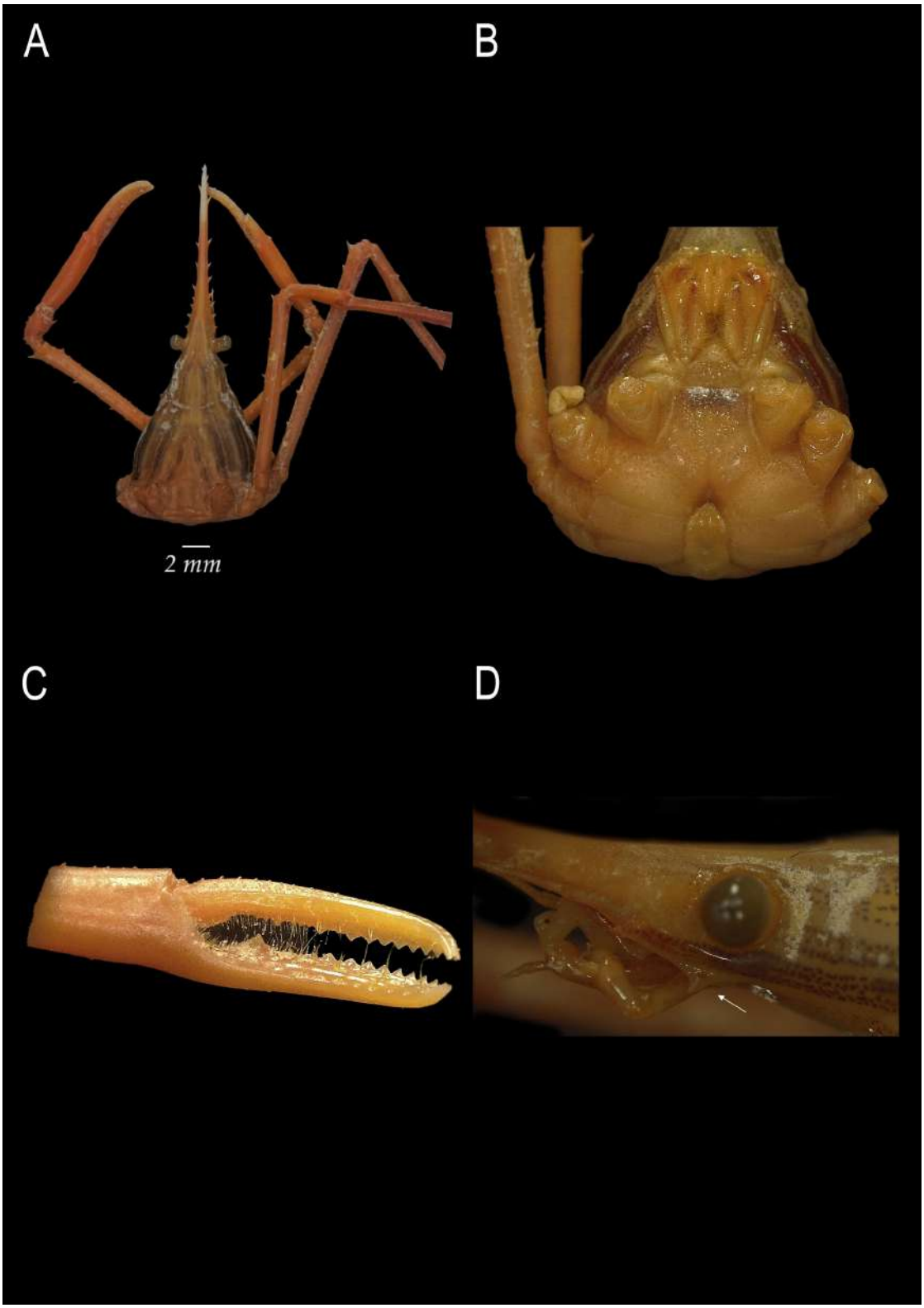


Figura 9. *Stenorhynchus debilis*. **A – D)** Individuo R-0372. **A)** Vista dorsal. **B)** Vista ventral. **C)** Quela pubescente. **D)** Artículo basal de la antena.

Familia **Majidae** Samouelle, 1819

Subfamilia **Mithracinae** MacLeay, 1838

Género **Teleophrys** Stimpson, 1860

3. ***Teleophrys tumidus*** (Cano, 1889)

Cefalotórax piriforme y lobulado, más notorio en toda la región branquial y sus márgenes, presencia de tubérculos, más notable en esta misma área (Figura 10A). Presencia de pocos pelos ganchudos cortos en la región gástrica (Figura 10C), frontal, parte del rostro (Figura 10D) y en el borde anterolateral del cefalotórax (Figura 10E) pero más largos en los pereópodos y ausentes en los quelípedos. Presencia de tres pequeñas espinas dispuestas en la región branquial, alineadas en sentido posteroanterior (Figura 10E). Rostro corto ligeramente elongado de forma triangular, bífido, convexo en los márgenes exteriores y redondeado en las zonas distales, pero haciéndose recto como una "V" en la escotadura rostral formando un ángulo de 20° (Figura 10D). Espinas preorbitales cortas, adyacentes a espinas prominentes y más grandes que surgen del segmento basal antenal (Figura 10E). Quelípedos simétricos y similares en ambos sexos, la quela es levemente más grande y robusta en los machos (Figura 10G). Los pereópodos son robustos y largos con presencia de espinas y tubérculos, pero a su vez más cortos que los quelípedos, las quelas no presentan estas estructuras. Punta del pleópodo 1 del macho alargada y puntiaguda y lóbulo subterminal redondeado delimitado por una escotadura adyacente en su base, el margen externo del segmento distal es convexo, extendiéndose desde la base del lóbulo hasta el ápice del pleópodo.

Material examinado: Se examinó un total de 5 individuos; 2 hembras (R-0373, R-0375) y 3 machos (R-0382, R-0383, R-0379).

Distribución: Desde las Islas Galápagos, al norte del Perú, hasta la bahía Independencia (Garth 1958).

Hábitat: Intermareal, en costas rocosas; cuando se recolecta con dragas, en fondos de

arena o conchas. Desde la costa hasta 10 brazas de profundidad (Garth 1958).

Coral gorgónido: *Leptogorgia* sp. 2 (06-000376) - R-0373. *Leptogorgia* sp. 2 (06-000376) - R-0375, R-0382, R-0383. *Leptogorgia* sp. 3 (06-000381) - R-0379.

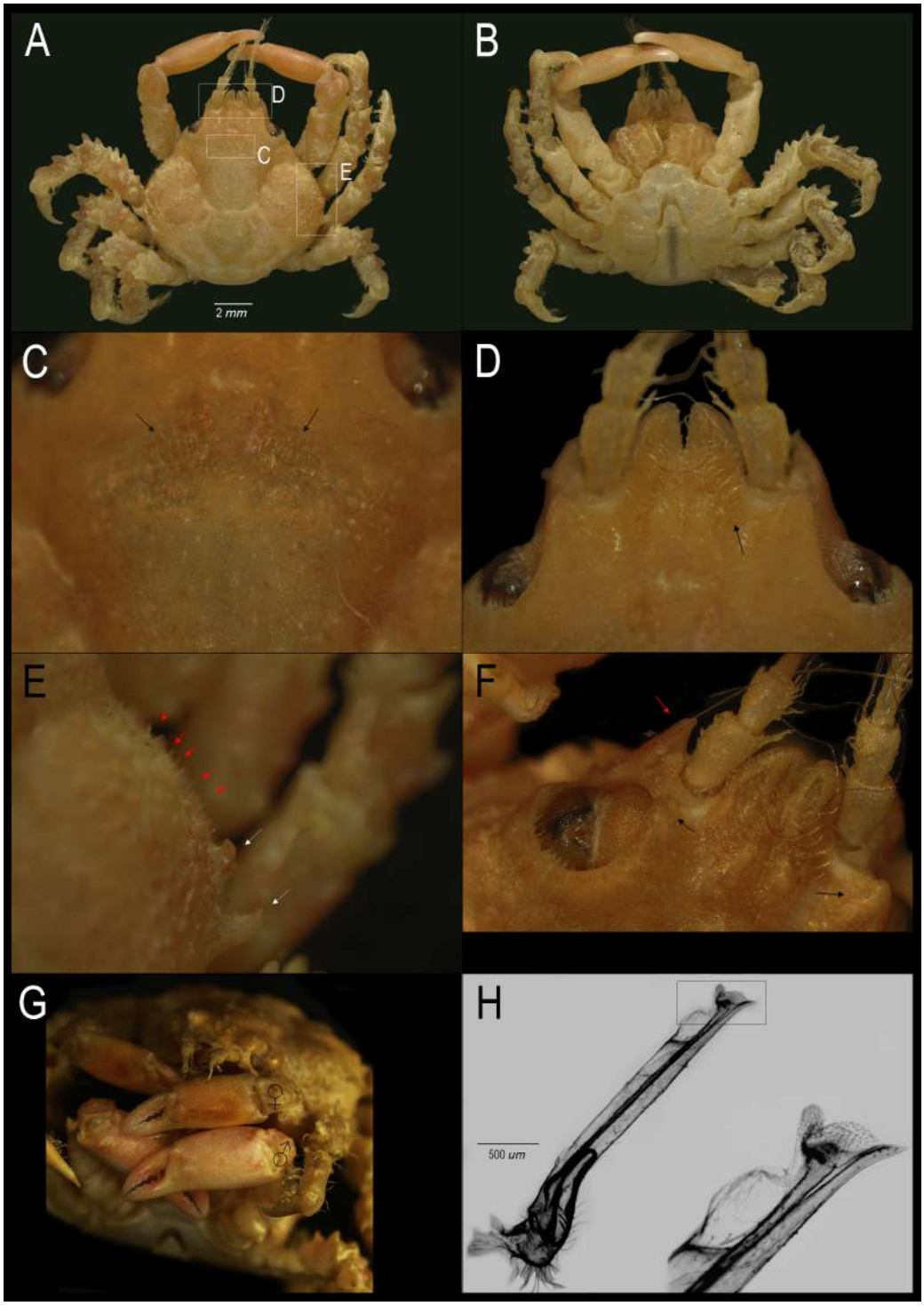


Figura 10. *Teleophrys tumidus* **A – H)** Individuo R-0382. **A)** Vista dorsal. **B)** Vista ventral. **C)** Pelos ganchudos en la región gástrica. **D)** Región frontal y rostro, la flecha negra indica pelos ganchudos. **E)** Borde anterolateral del cefalotórax; flechas blancas indica espinas, flechas rojas indica pelos ganchudos. **F)** Flecha negra indica espinas preorbitales, flecha roja indica espina. **G)** Quelas de ambos sexos. **H)** Pleópodo 1 o gonopodio.

Familia **Epialtidae** MacLeay, 1838

Subfamilia **Epialtinae** MacLeay, 1838

Género **Acanthonyx** Latreille, 1829

4. ***Acanthonyx* sp.**

Cefalotórax sólido de forma ovoide, liso y sin rugosidades, con proyecciones cuadrangulares, pero de bordes redondeados en los márgenes, la región hepática y branquial acompañados de un mechón de setas cortas (Figura 11A, B) ojos pedunculados, lóbulo preorbital presente con setas alrededor de este, lóbulo postorbital indistinto. Rostro corto, levemente doblado ventralmente, bífido con los extremos agudos, formando una escotadura rostral en forma de una "V" cóncava pronunciada con presencia de 4 a 5 setas robustas. Presencia de setas en todos los tergos del quelípedo, dedos de la pinza dentado, 5 en el dáctilo y 6 en el pólex (Figura 11C). Pereópodos subcilíndricos no quelados, propodio con presencia de un mechón setal en el margen ventral, dáctilo con presencia de 6 a 7 espinas en la zona ventral (Figura 11D).

Material examinado: Se examinó 1 individuo (R-0378).

Distribución geográfica: *Acanthonyx* sp. pertenece a un género ampliamente distribuido en ambas costas de América Central, incluyendo las Azores, las Islas de Cabo Verde, el Mediterráneo, el Mar Rojo, el Océano Índico y las Islas Hawái (Rathbun 1925).

Hábitat: Las especies del género se registran desde la costa hasta 120 metros de profundidad (Garth 1958).

Coral gorgónido: *Leptogorgia* sp. 3 (06-000381).

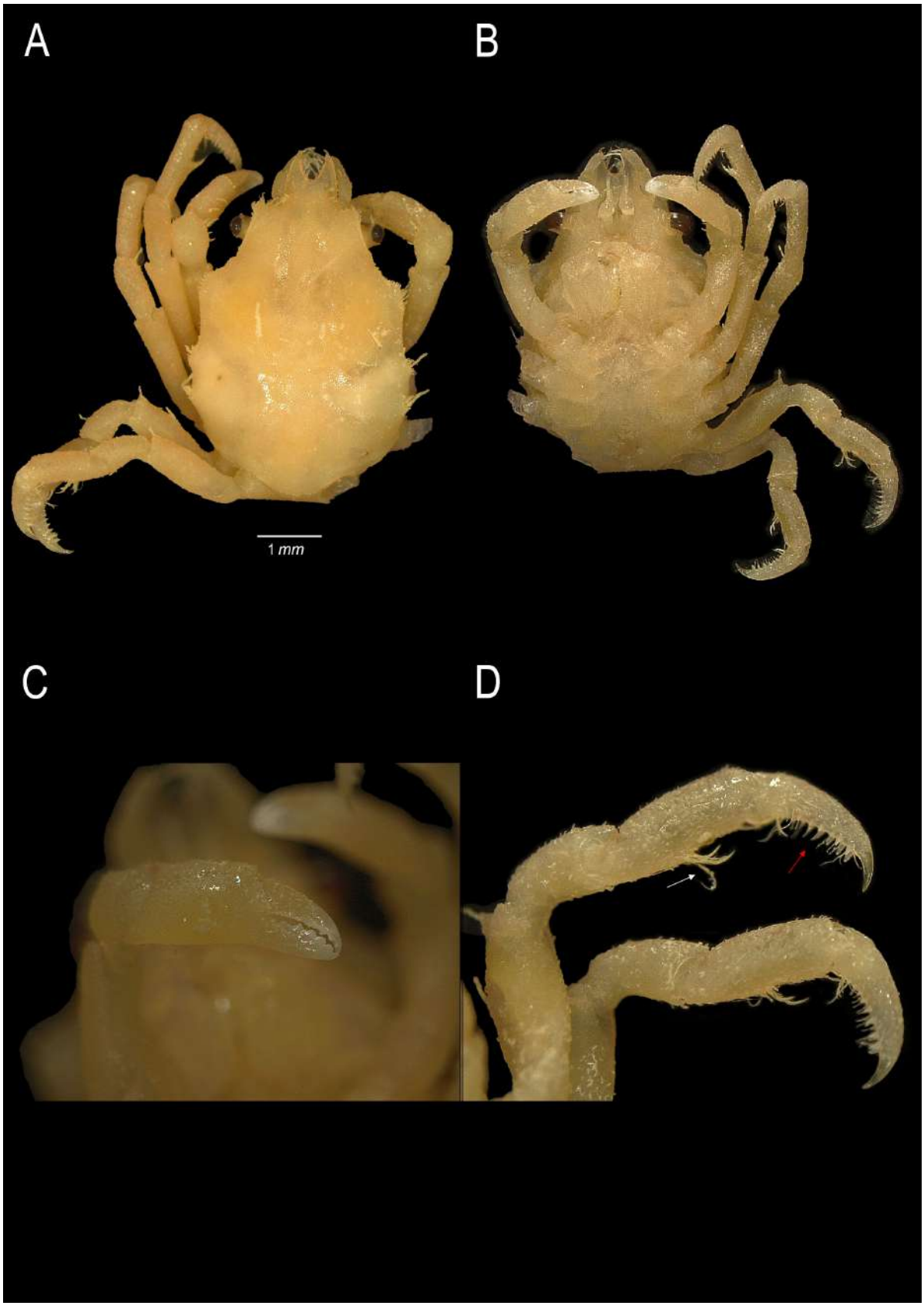


Figura 11. *Acanthonyx* sp. **A – D)** Individuo R-0378. **A)** Vista dorsal. **B)** Vista ventral. **C)** Quelas dentadas en los dedos. **D)** Pereópodos; flecha blanca indica mechón de setas, flecha roja indica espinas.

Superfamilia **Pilumnoidea** Samouelle, 1819

Familia **Pilumnidae** Samouelle, 1819

Subfamilia **Pilumninae** Samouelle, 1819

Género **Pilumnus** Leach, 1816

5. ***Pilumnus* sp.**

Cefalotórax de forma hexagonal más ancho que largo, la superficie es dorsal y lisa con algunas granulaciones apenas visibles en la región hepática; no se observa setas en el cefalotórax, pereópodos y quelípedos (Figura 12A). El margen anterolateral de menor longitud que el margen posterolateral, es convexo y presenta 5 dientes espiniformes, incluido el orbital externo, siendo el tercero y cuarto los más grandes (Figura 12B). Margen posterolateral casi recto apenas cóncavo. El margen frontal ocupa ligeramente menos de la mitad del ancho total del cefalotórax y se divide en dos lóbulos convexos (Figura 12C) separados por una muesca o fisura que se alinea con el ángulo interno del borde de la región orbital, el cual presenta dos fisuras y es muy levemente dentado en su margen (Figura 12D). El margen de la región suborbital es dentado con un ángulo interno agudo y prominente (Figura 12E). Quelípedos desiguales en tamaño, el derecho es más grande. Ambas quelas presentan gránulos en la cara externa de toda la palma, pero no en la totalidad de la quela derecha. Ninguna quela posee estas granulaciones en el margen interno de la palma (Figura 12F, G).

Material examinado: Se examinó 1 individuo (R-0386).

Distribución geográfica: *Pilumnus* sp. pertenece a un género distribuido en la región occidental del Océano Índico, abarcando áreas como Sudáfrica, el Mar Rojo, el Golfo de Adén, el Golfo Pérsico y el Golfo de Omán (Naderloo 2017). Y a lo largo de las costas de América, desde Carolina del Norte hasta Argentina y desde San Pedro, California, hasta Perú, además de habitar otros mares tropicales y templados cálidos (Rathbun 1930).

Hábitat: Las especies del género habitan en la zona intermareal, en sustratos rocosos

o de guijarros, bancos de ostras, áreas fangosas con conchas y manglares (Naderloo 2017).

Coral gorgónido: *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000383).

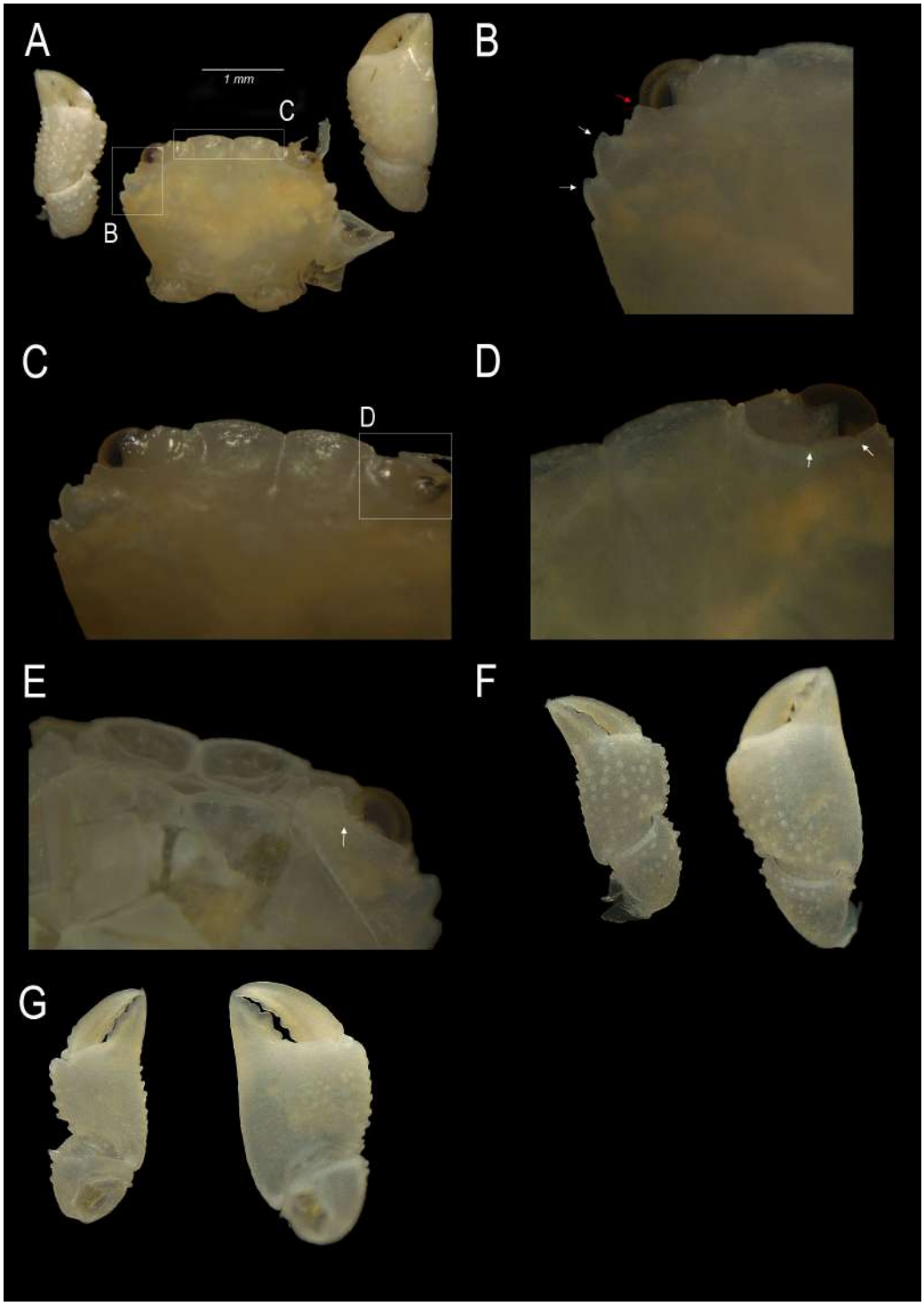


Figura 12. *Pilumnus* sp. **A – G)** Individuo R-0386. **A)** Vista dorsal. **B)** Margen anterolateral, flecha roja indica el diente del orbital externo, flechas blancas indica 3ro y 4to diente. **C)** Margen frontal. **D)** Región orbital; las flechas blancas indica dos fisuras en el margen. **E)** Región suborbital, la flecha indica el ángulo agudo. **F)** Cara externa de la palma de las quelas. **G)** Cara interna de la palma de las quelas.

Subclase **Cirripedia** Burmeister, 1834

Infraclase **Acrothoracica** Gruvel, 1905

Orden **Balanomorpha** Pilsbry, 1916

Superfamilia **Balanoidea** Leach, 1817

Familia **Balanidae** Leach, 1817

Subfamilia **Archeobalaninae** Newman y Ross, 1976

Género **Conopea** Say, 1822

6. ***Conopea* sp.**

Las placas externas de la carina y carina laterales presentan coloración similar al del hospedador, pero de menor intensidad en las demás placas. Forma del orificio irregular y con una concavidad pronunciada en dirección a la placa de la carina. La base de la concha es incolora (Figura 13B, F) o muy ligeramente coloreada (Figura 14B), tiene forma alargada y puntiaguda como una media luna (Figura 13A) o una S (Figura 14A). Paredes externas irregulares, con mayor irregularidad en el rostro; y tenues costillas, pero más prominentes en la carina y carina lateral derecha. Paredes laterales ligeramente asimétricas (Figura 13E) o muy asimétricas (Figura 13A), con rostro lateral y carina lateral convexo (Figura 13E, Figura 14A, B) o con el rostro lateral y la carina lateral izquierda ligeramente cóncavos (Figura 13A). Rostro alargado y curvo con ausencia de alae, presencia de radii finos y lisos en todas las placas.

Scutum. El margen tergal y ocludente son bastante recto (Figura 13C, G) o el margen tergal presenta una muy ligera concavidad (Figura 14C, G) mientras que el margen basal es levemente ondulado con una concavidad más pronunciada hacia el margen tergal. El ápice es agudo y el borde articular 4/5 partes del margen tergal. Presencia un surco articular. Ausencia de la inserción del músculo abductor, mientras que la cavidad del músculo rostral depresor y del músculo lateral depresor son poco profundas (Figura 14G). El ángulo basitergal es recto de aproximadamente 90° y el ángulo basiocludente

es de alrededor de 40°.

Tergum. El margen escutal es recto (Figura 13D) o muy levemente cóncavo (Figura 14D), el margen carinal es convexo y el margen basal es recto. El ángulo basicustal forma alrededor de 70°. El espolón es liso, ancho, convexo y truncado, ocupando un poco menos de 1/3 del margen basal. El borde articular ocupa 1/3 del margen escutal. No presenta crestas del músculo depresor.

Cirro I. Ramas desiguales, la posterior más pequeña que la anterior (Figura 16A) presencia de setas “simple” y “serrulate” en el margen posterior del protopodo y a lo largo de las dos ramas pero con mayor cantidad del tipo “serrulate” en el margen posterior de la rama posterior y en los segmentos terminales (Figura 16B).

Cirro II. Ramas desiguales, la posterior más pequeña que la anterior, presencia de setas “plumose” en el margen posterior del protopodo (Figura 16E), “simple” y “serrulate” en el margen anterior del protopodo (Figura 16C) setas “serrulate” y “simple” a lo largo de las dos ramas, pero más abundantes las del tipo “serrulate” en los segmentos terminales de las dos ramas (Figura 16D).

Cirro III. Ramas desiguales, la anterior más grande que la posterior, margen anterior con setas “serrulate” y margen posterior con abundantes setas “plumose” bastante largas (Figura 16G) presencia de “simple spinule”, “multifid scale” de márgenes lisos y en menor cantidad “multifid spinules” en los bordes de los segmentos de las dos ramas (Figura 16H) presencia de setas “simple” y “serrulate” a lo largo de las dos ramas.

Cirro IV. Ramas subiguales, presencia de setas tipo “serrulate” y “simple” a lo largo de las dos ramas, presencia de “denticles” amontonados en el borde del margen anterior de la rama anterior (Figura 17A, B).

Cirro V. Rama posterior larga (Figura 17C) o corta (Figura 17E) con el ultimo segmento distal de forma rectangular (Figura 17C) o como un dedo (Figura 17E) presencia de setas “simple”, “serrulate” y “serrate” (Figura 17D) a lo largo de las dos ramas, presencia

de pocas setas “simple” y “serrulate” en el margen anterior del protopodo.

Cirro VI. Ramas subiguales; presencia de setas largas y esbeltas del tipo “serrate”, “serrulate” y “simple” a lo largo de las dos ramas (Figura 17F, G).

Maxila. Subbilobada con presencia de setas largas y esbeltas del tipo “simple” y “serrulate” (Figura 17H, Figura 18A).

Maxílulas. Simétricas o asimétricas, margen de corte recto y liso en la maxílula izquierda, pero con presencia de una muesca al final del margen, presencia de 10 pares de espinas o el margen es totalmente recto y liso sin muesca, pero con 8 pares de espinas (Figura 18B). Maxílula derecha en todos los casos recta y lisa con 8 espinas; presencia de setas "simplez largas en el margen superior e inferior, siendo más abundantes en el inferior (Figura 18B). Siempre las 2 espinas más grandes adyacentes al margen superior.

Mandíbula. Presencia de 4 dientes, diente 2 y 4 bífidos, el diente número 1 más grande que los otros. Ángulo inferior truncado en forma rectangular; presencia de setas "simple.en el margen superior e inferior (Figura 18C, D).

Palpo mandibular. Truncado; levemente cóncavo el margen exterior (Figura 18E); presencia de setas “serrulate” a lo largo de todo el margen exterior (Figura 18F).

Labrum. Bilobado con una muesca al centro; presencia de 3 dientes en las crestas de cada lóbulo (Figura 18G).

Pene. Anillado con presencia de setas en la zona distal y la punta, presencia de punto basidorsal de forma subtriangular arqueado, largo y esbelto con una terminación en una punta afilada sin setas (Figura 18H).

Material examinado: Se examinó un total de 5 individuos (R-0376, R-0377, R-0839, R-0840 y R-0842) para la caracterización de las placas (operculares y de la pared) y 3 individuos (R0839, R0840 y R0842) para la caracterización de los cirros, partes bucales y pene.

Distribución geográfica: Las especies del género tienen una amplia distribución alre-

dedor del mundo, en mares tropicales y templados, desde zonas someras a mayores profundidades (Kolbasov et al. 2016). Sin embargo, las áreas de distribución de las especies no están claramente delimitadas, ya que las descripciones disponibles suelen ser incompletas y, en ocasiones, incluyen datos poco confiables. (Carrison-Stone et al. 2013).

Hábitat: Las especies del género *Conopea* dependen de una relación simbiótica comensal obligatoria con gorgonias o corales negros (Carrison-Stone et al. 2013).

Coral gorgónido: *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000384).

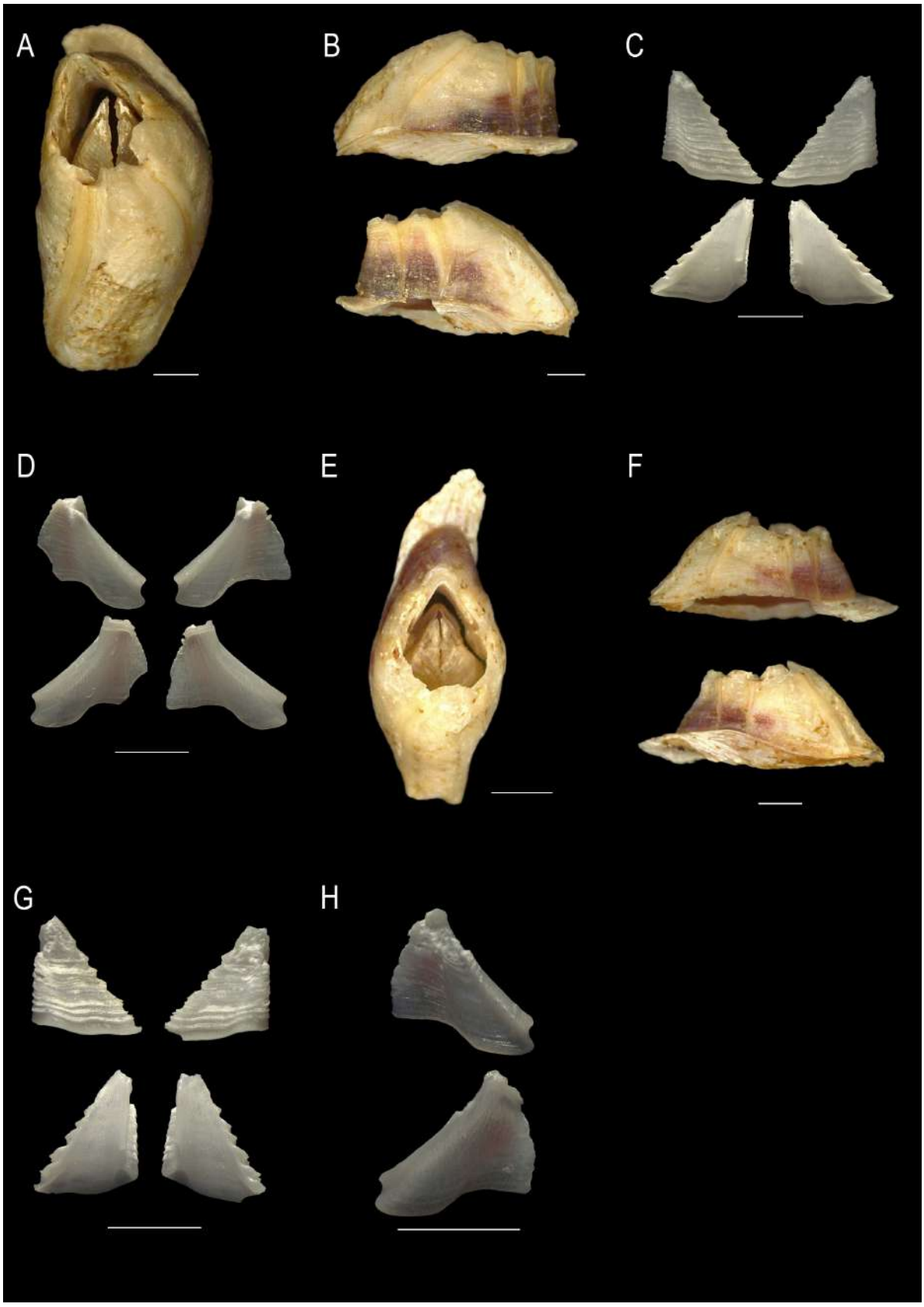


Figura 13. *Conopea* sp. Placas de la pared y operculares completas. **A – D)** Individuo R-0376. **E – H)** Individuo R-0377. **A, E)** Vista superior. **B, F)** Vista lateral. **C, G)** Vista externa e interna del scutum. **D, H)** Vista externa e interna del tergum. Barra escala = 1 mm.

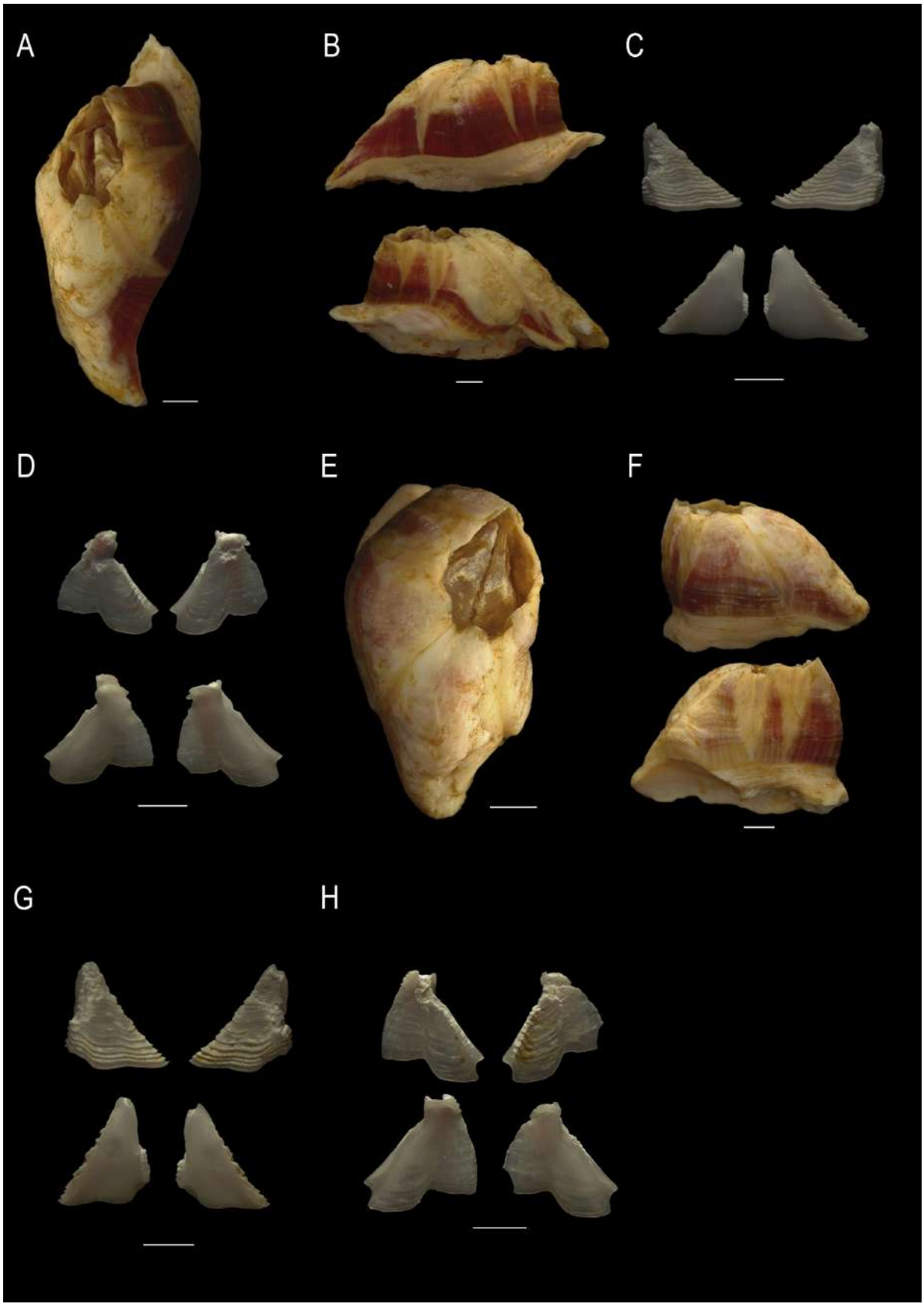


Figura 14. *Conopea* sp. Placas de la pared y operculares completas. **A – D)** Individuo R-0839. **E – H)** Individuo R-0840. **A, E)** Vista superior. **B, F)** Vista lateral. **C, G)** Vista externa e interna del scutum. **D, H)** Vista externa e interna del tergum. Barra escala = 1 mm.

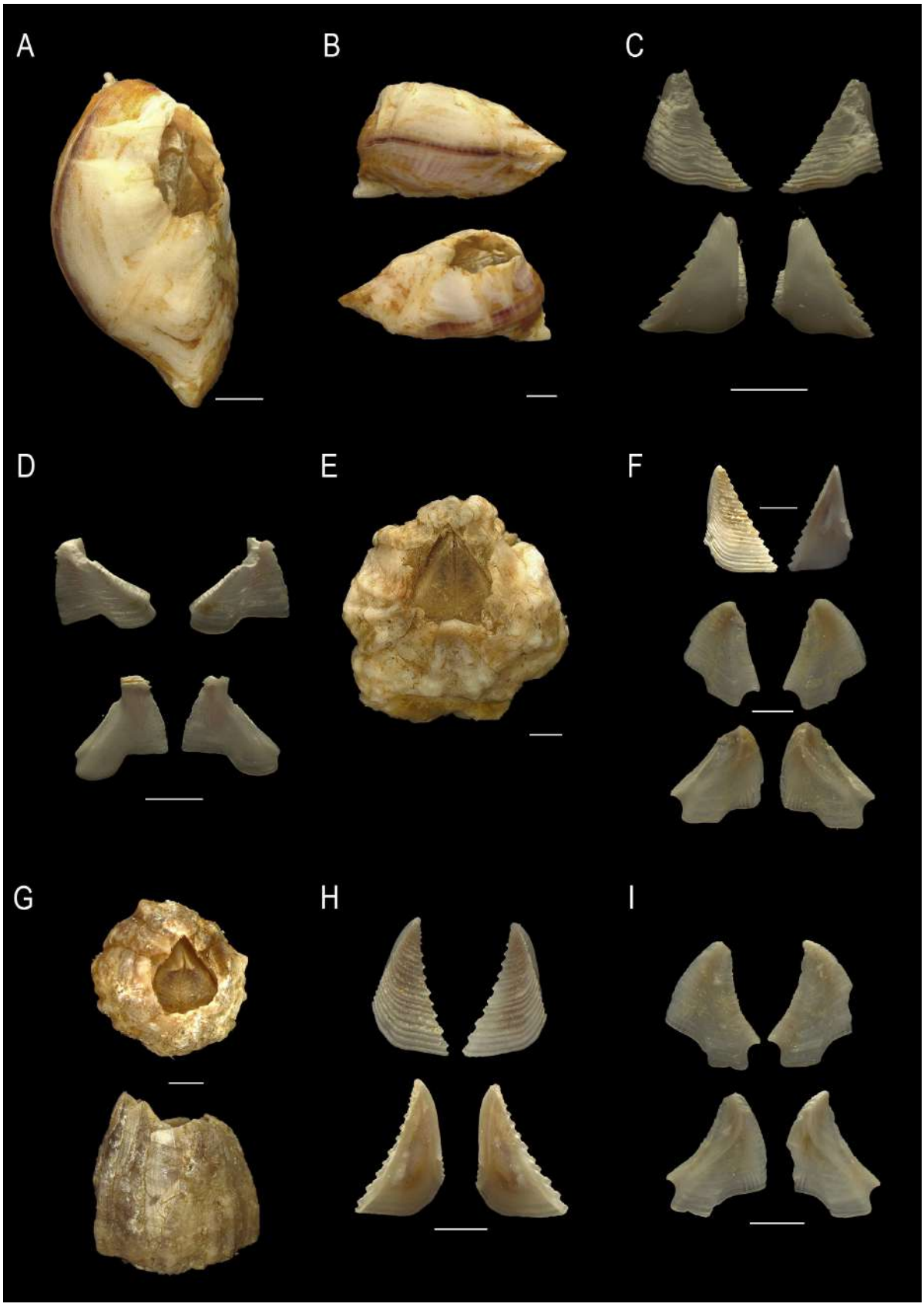


Figura 15. *Conopea* sp. y Archaeobalaninae. Placas de la pared y operculares completas. **A – D)** *Conopea* sp. Individuo R0842. **E – F)** Archaeobalaninae. Individuo R-0841. **G – I)** Archaeobalaninae. Individuo R-0843. **A, E, G)** vista superior. **B, G)** Vista lateral. **C, F, H)** Vista externa e interna del scutum. **D, F, I)** Vista externa e interna del tergum. Barra escala = 1 mm.

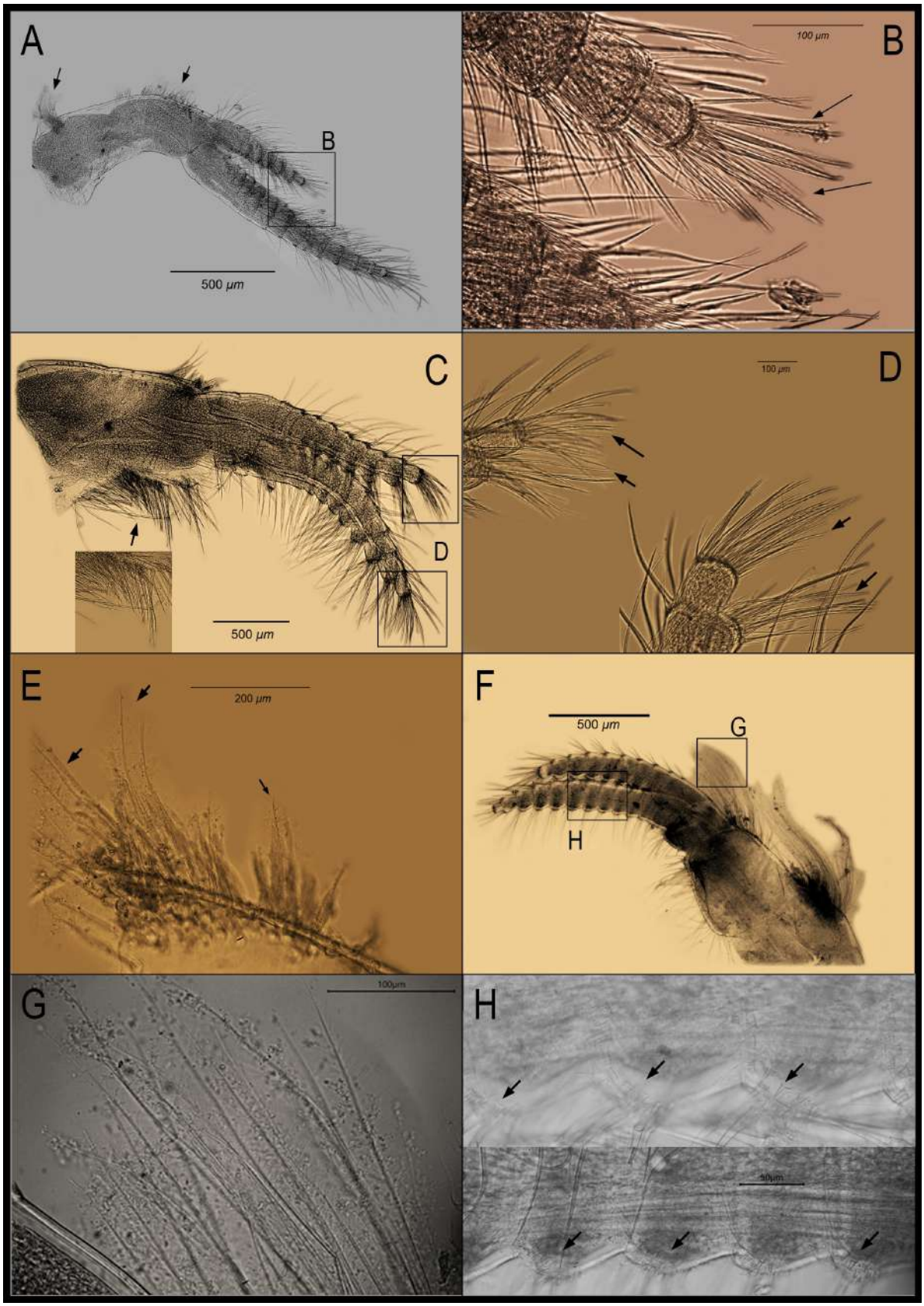


Figura 16. *Conopea* sp. Cirro I, II, III. **A – D)** Individuo R-0842. **E – H)** Individuo R-0840. **A)** Cirro I. **B)** Setas "serrulate" en el segmento terminal de las rama anterior y superior. **C)** Cirro II. **D)** Setas "serrulate" en el segmento terminal de la rama anterior y superior. **E)** Setas "plumose" del protopodo. **F)** Cirro III. **G)** Setas "plumose" del protopodo. **H)** "simple spinule", "multifid scale" y "multifid spinules"

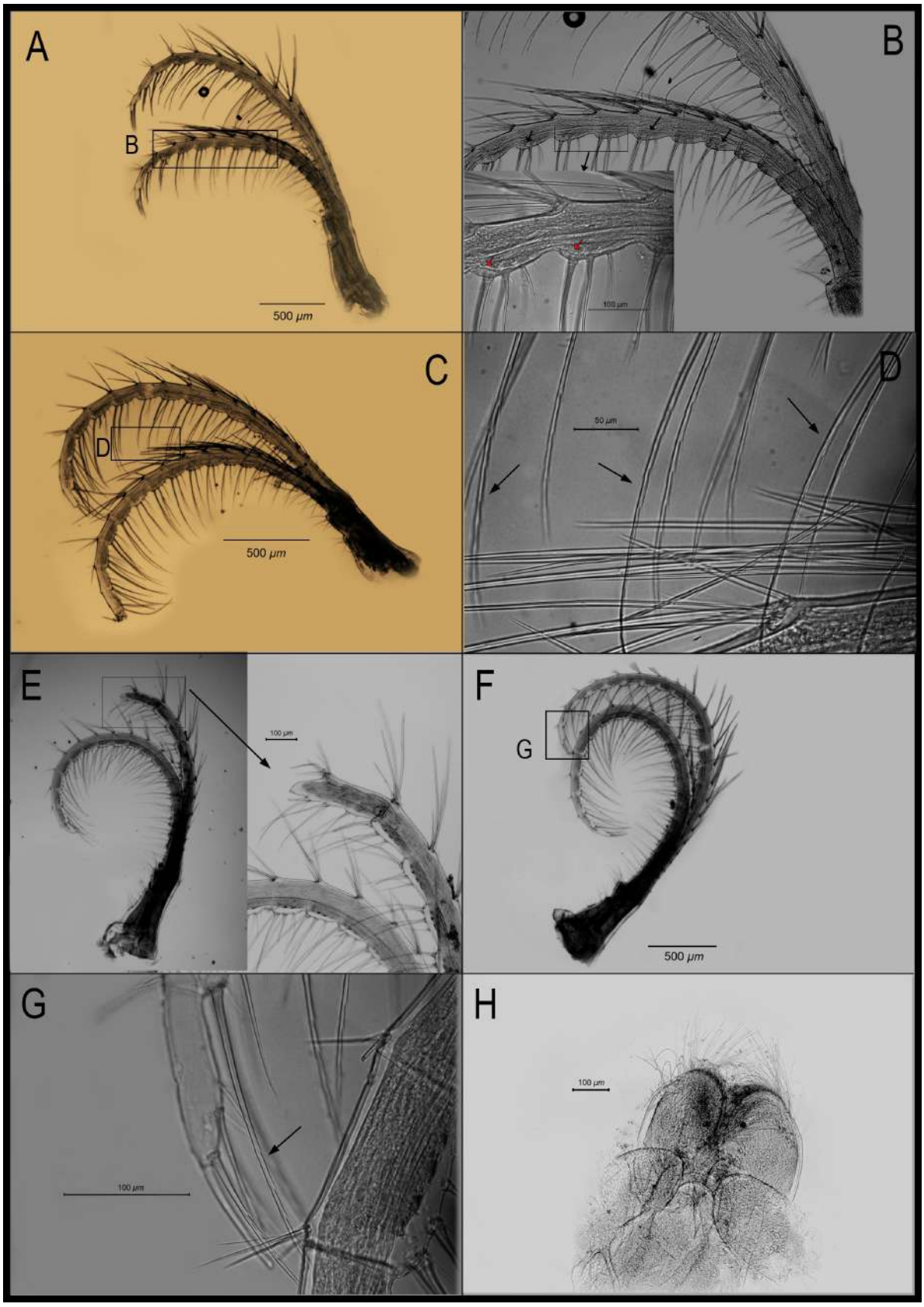


Figura 17. *Conopea* sp. Cirro IV, V, VI y maxila. **A – D, H)** Individuo R-0842. **E – G)** Individuo R-0840. **A)** Cirro IV. **B)** "Denticle" en el borde de la rama anterior. **C)** Cirro V. **D)** Setas "serrulate". **E)** Cirro V, rama anterior pequeña de segmento distal con forma de dedo. **F)** Cirro VI. **G)** Setas "serrulatae" o "serrate". **H)** Maxila.

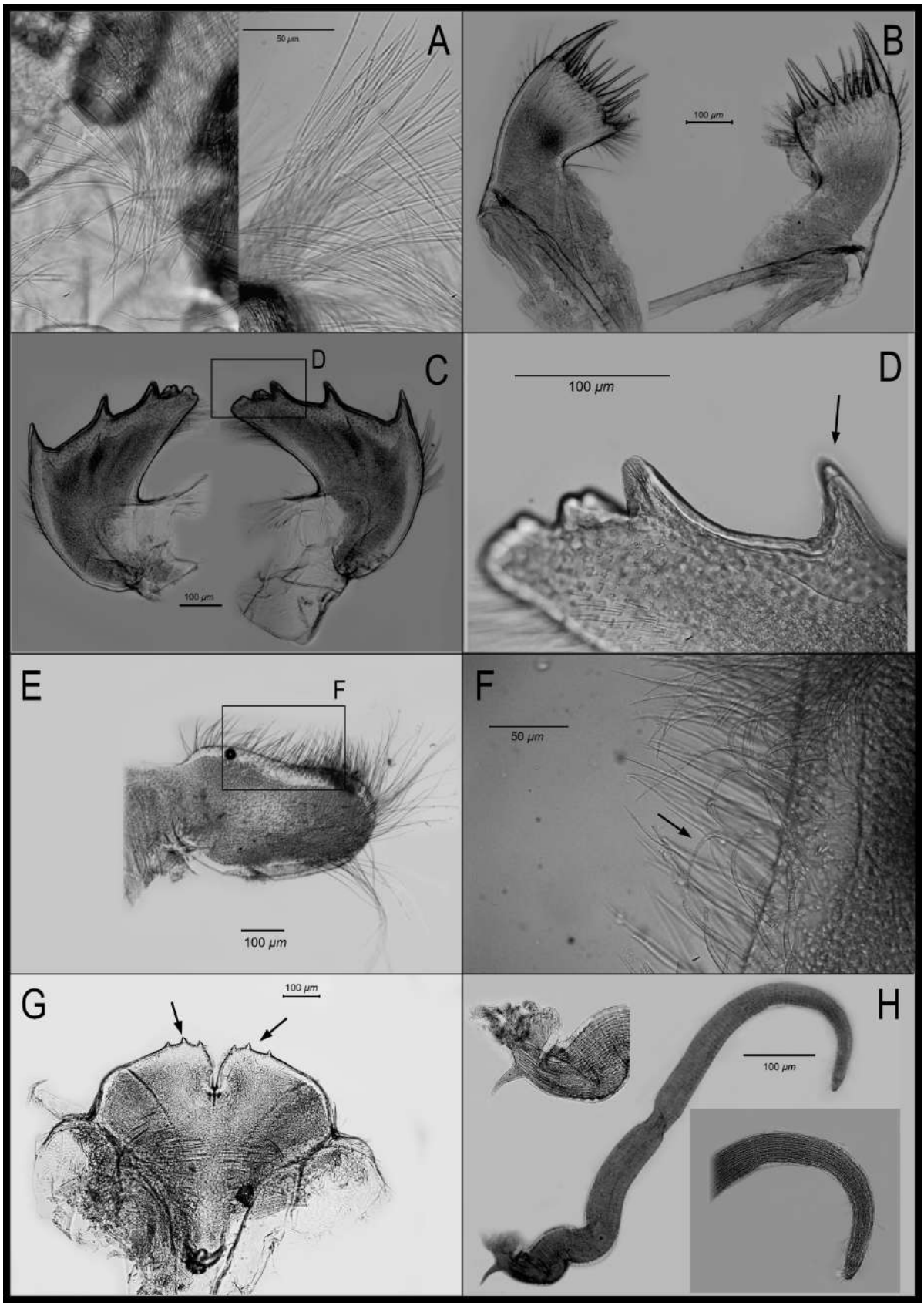


Figura 18. *Conopea* sp. Piezas bucales y pene. **A, C – F, H)** Individuo R-0839. **B, G)** Individuo R-0840. **A)** Setas "simple" y "serrulate" de la maxila. **B)** Maxílulas. **C)** Mandíbulas. **D)** Diente II de la mandíbula. **E)** Palpo mandibular. **F)** Setas "serrulate". **G)** Labrum tridentado. **H)** Pene.

7. Subfamilia **Archaeobalaninae** Newman & Ross, 1976

Orificio grande en forma de cono irregular y la base de la concha de forma circular irregular. Paredes externas irregulares con presencia de crestas longitudinales gruesas y pequeñas protuberancias no muy definidas en cada cresta. Presencia de radii en todas las placas, más angostos en los lados de la placa del rostro y más anchas en los lados de la carina. El diámetro de la base un poco más pequeño que su altura (Figura 15E, G).

Scutum. Margen basal casi recto con una ondulación leve apenas perceptible (Figura 15F, H), margen ocludente recto en su totalidad (Figura 15F) o levemente cóncavo (Figura 15H), margen tergal ligeramente cóncavo con una mayor pronunciación hacia el ápice (Figura 15H); borde articular prominente de una extensión de un poco más de 4/5 del margen tergal, finalizando en la forma de un ápice curvo (Figura 15H). Presencia de surco articular y ápice agudo; presencia de las 3 cavidades de inserciones musculares y notorias (Figura 15H). El ángulo basitergal es mayor a 90° pero menor a 100° y el ángulo basiocludente es mayor a 40° pero menor a 50°.

Tergum. Margen scutal ligeramente cóncavo o muy cóncavo (Figura 15F, I) margen carinal convexo (Figura 15F, I) margen basal casi recto muy levemente convexo (Figura 15F, I) y el ángulo basicustal es de alrededor de 60°. El espolón es liso, ancho y truncado como un rectángulo separado del ángulo basicustal, ocupando un poco más de 1/3 del total del margen basal. El borde articular ocupa un poco más de 1/2 del margen escutal. Presencia de 4 crestas para el músculo depresor.

Cirro I. Ramas desiguales, rama posterior más que pequeña que la anterior (Figura 19A); presencia de setas “simple” y “plumose” en el margen posterior del protopodo (Figura 19B). Setas “simple” y “serrulate” a lo largo de toda la rama anterior y posterior (Figura 19C).

Cirro II. Más grande que el cirro I, ramas subiguales, la posterior más pequeña (Figura 19D). Setas “simple” y “plumose” en el margen posterior del protopodo y “simple” y

“serrulate” en el margen anterior (Figura 19F). Setas “simple” y “serrulate” a lo largo de las dos ramas, pero en su mayoría setas “simple”. Los segmentos distales de las dos ramas con una mayor cantidad de setas “serrulate” (Figura 19E).

Cirro III. Ramas subiguales, la posterior más pequeña que la anterior (Figura 19G). Setas “plumose” exageradamente largas y esbeltas en el margen posterior del protopodo (Figura 19H) y setas “simple” en menor cantidad y de menor tamaño en el margen anterior. Setas “simple” y “serrulate” a lo largo de las dos ramas pero en mayor cantidad en las setas “serrulate” en los segmentos distales de las dos ramas; presencia de “simple spinules” y “multifid scales” en los bordes de los segmentos intermedios (Figura 20A).

Cirro IV. Tamaño de las ramas casi iguales o iguales (Figura 20B), setas “simples” y cortas en los márgenes del protopodo junto con “simple spinules”. Setas “simple” y “serrulate” a lo largo de todas las ramas pero en los segmentos distales y márgenes anteriores de ambas ramas predominan las setas “serrulate” (Figura 20D), mientras que en los márgenes posteriores abundan más las setas “simple”. Presencia de “multifid scales” en los segmentos intermedios de la rama anterior pero ausentes en la rama posterior (Figura 20C).

Cirro V. Cirro incompleto en los segmentos distales de las dos ramas (Figura 20E); setas “serrulate” y “simple” a lo largo de las dos ramas, siendo las “serrulate” más largas. Presencia de “simple spinules” junto a setas “serrulate” cortas en ambos márgenes del protopodo (Figura 20F).

Cirro VI. Rama posterior incompleta (Figura 20G). Setas “serrulate” y “simple” a lo largo de las dos ramas, siendo las “serrulate” más largas. Presencia de “simple spinules” junto a setas cortas en ambos márgenes del protopodo (Figura 20H).

Maxila. Subbilobada, con setas largas y delgadas del tipo “simple” y “serrulate” (Figura 21A).

Maxílula. Simétricas, margen de corte recto con presencia de 10 pares de espinas, sien-

do las dos en los extremos las más grandes, presencia de setas “simples” en el margen superior e inferior, siendo más abundantes en el inferior (Figura 21B).

Mandíbula. Presencia de 5 dientes, el segundo bífido (Figura 21D). Tamaño del diente 1, 2 y 3 casi iguales; 4 y 5 más pequeños y el 5 puntiaguado con una terminación roma. Ángulo inferior truncado en forma rectangular (Figura 21C).

Palpo mandibular. Truncado, levemente cóncavo en la parte final del margen exterior; setas “simple” y “serrulate” a lo largo de todo el margen (Figura 21E).

Labrum. Bilobado con una muesca en forma de V (Figura 21F), presencia de 3 pequeños dientes en cada cresta (Figura 21G).

Pene. Pene anillado con presencia de setas en la zona distal pero no en la punta, presencia de punto basidorsal grande, de forma triangular robusto con una terminación en una punta roma (Figura 21H).

Material examinado: Se examinó un total de 2 individuos (R-0841 y R-0843) para la caracterización de las placas (operculares y de la pared) y 1 individuo (R-0841) para la caracterización de los cirros, partes bucales y pene.

Distribución geográfica: En zonas tropicales y templadas, particularmente en el intermareal de costas rocosas. Se encuentran ausentes en la zona supralitoral, pero también pueden habitar el submareal. (Newman & Ross 1976).

Hábitat: Zonas intermareales con sustratos duros y zona submareal; también registrado como endosimbionte en corales gorgónidos (Newman & Ross 1976, Carrison-Stone et al. 2013).

Coral gorgónido: *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000383).

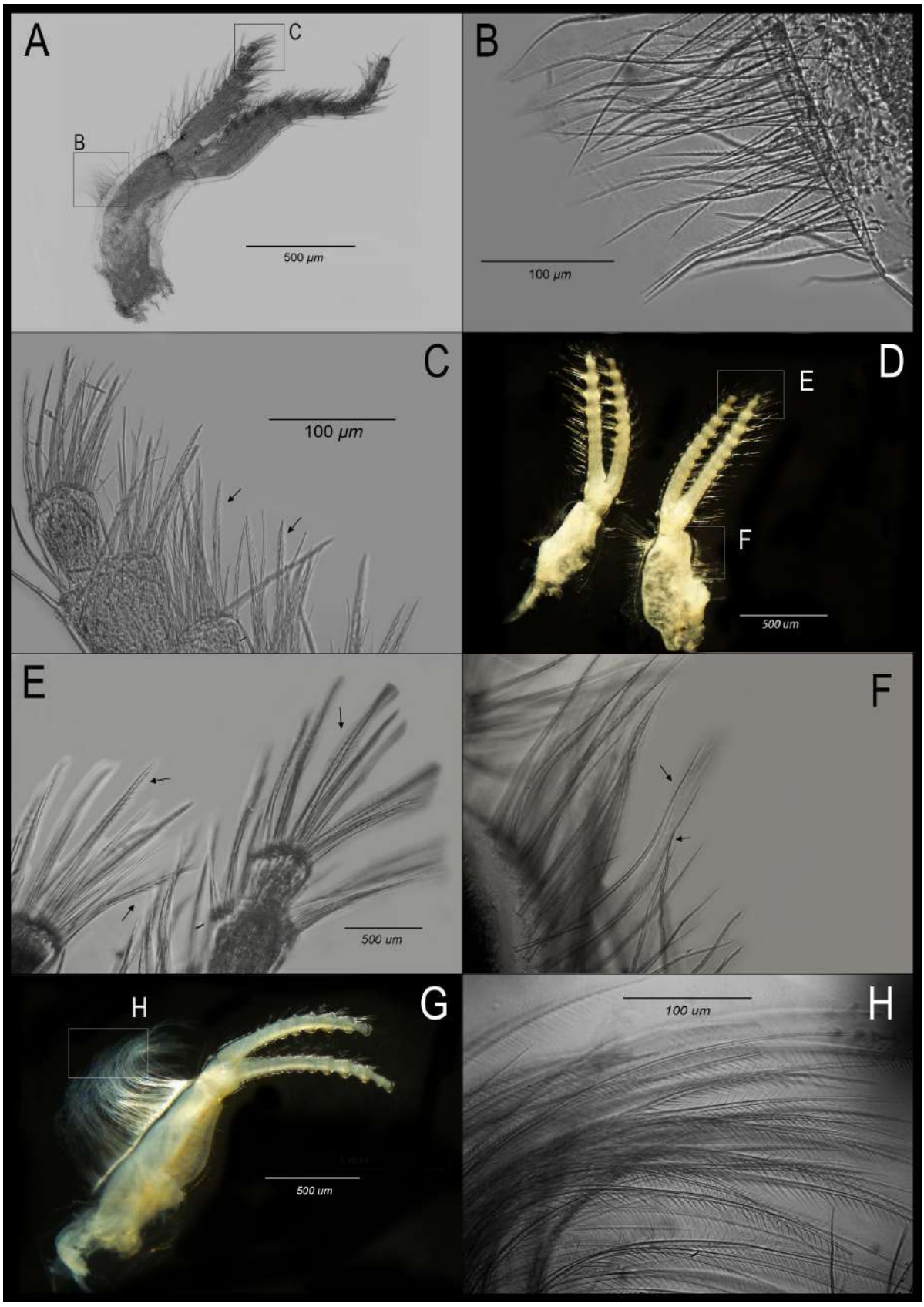


Figura 19. Archaeobalaninae. Cirro I, II, III. **A – H)** Individuo R-0841. **A)** Cirro I. **B)** Seta “Plumose” en el margen posterior. **C)** Seta “Serrulate” en la rama posterior. **D)** Cirro II. **E)** Setas “Serrulate” en los segmentos distales de las ramas. **F)** Setas “Serrulate”. **G)** Cirro III. **H)** Setas “Plumose” en el margen posterior.

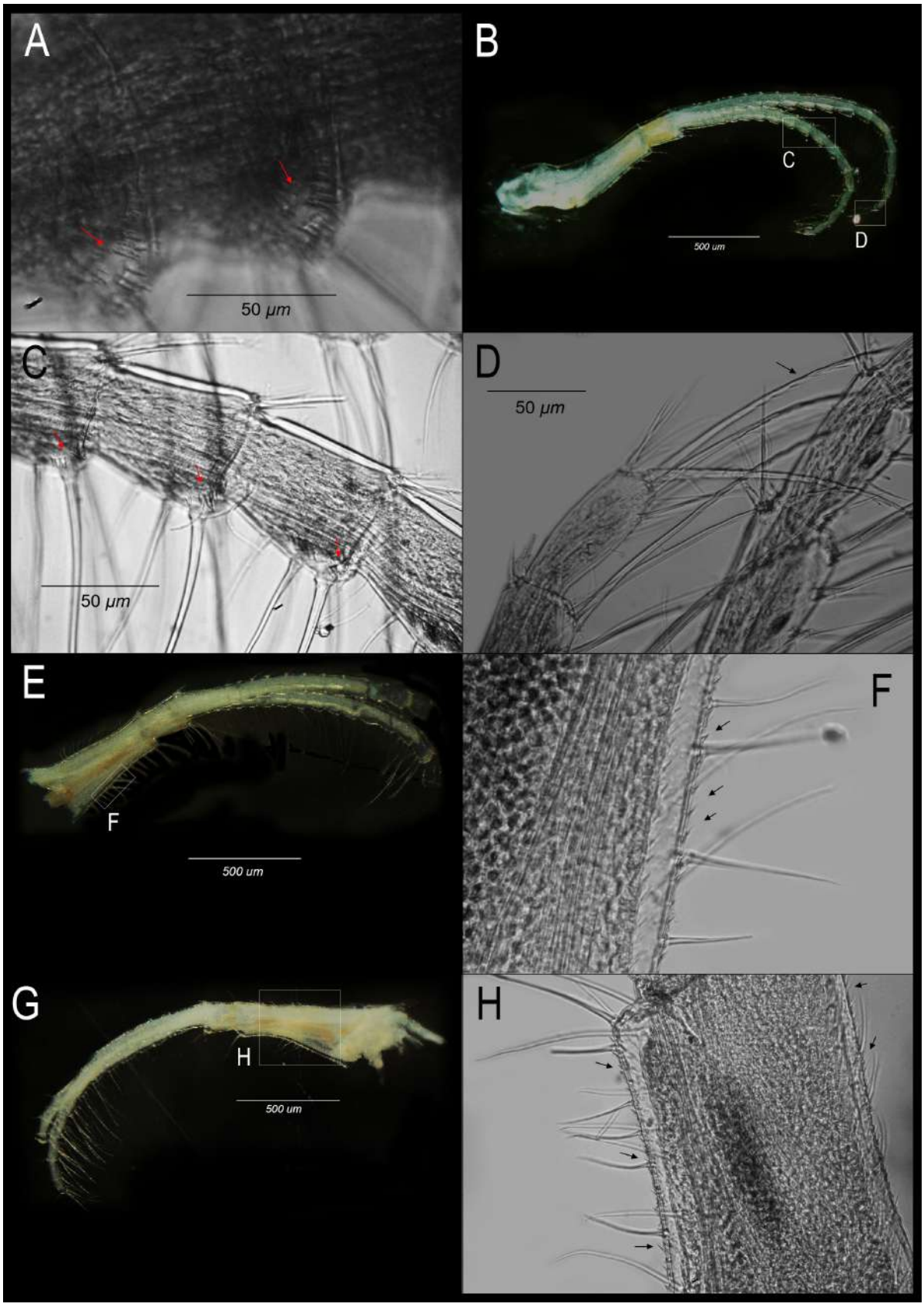


Figura 20. Archaeobalaninae. Cirro III, IV, V y VI. **A – H)** Individuo R-0841. **A)** Procesos finos en los bordes de los segmentos intermedios del cirro III. **B)** Cirro IV. **C)** "Multifid scales" en segmentos intermedios. **D)** Setas "serrulate" en el segmento distal de la rama posterior. **E)** Cirro V. **F)** "Simple spinules" en el margen del protopodo. **G)** Cirro VI. **H)** "Simple spinules" en ambos márgenes del protopodo.

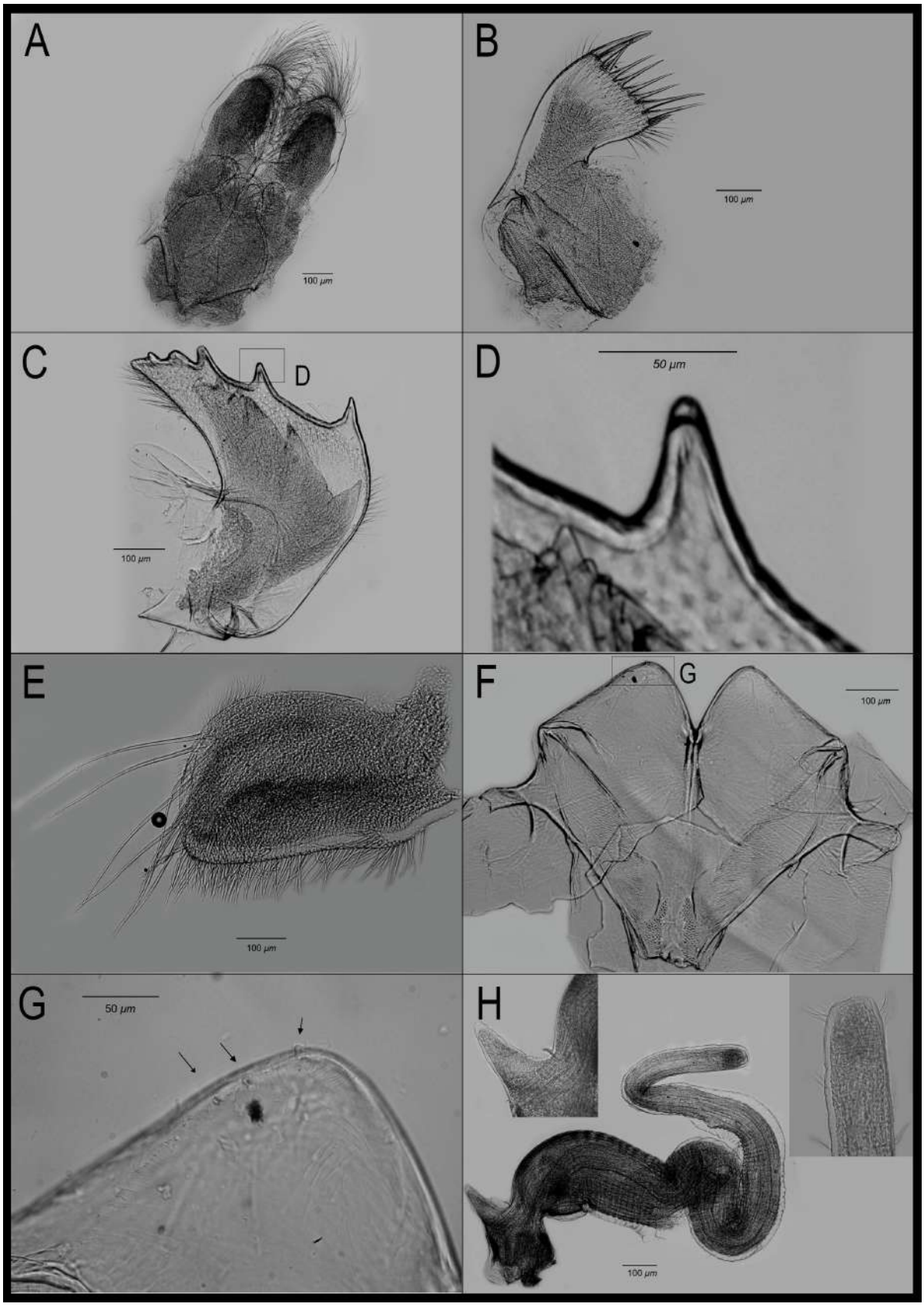


Figura 21. Archaeobalaninae. Piezas bucales y pene. **A – H)** Individuo R-0841. **A)** Maxila. **B)** Maxílulas. **C)** Mandíbulas. **D)** Diente II de la mandíbula. **E)** Palpo mandibular. **F)** Labrum. **G)** Dientes en la cresta del labrum. **H)** Pene.

Orden **Amphipoda** Latreille, 1816

Suborden **Senticaudata** Lowry y Myers, 2013

Infraorden **Corophiida** Leach, 1814

Parvorden **Caprellidira** Leach, 1814

Superfamilia **Caprelloidea** Leach, 1814

Familia **Caprellidae** Leach, 1814

Subfamilia **Caprellinae** Leach, 1814

Género ***Caprella*** Lamarck, 1801

8. ***Caprella scaura*** (sensu lato) Templeton, 1836

Cuerpo liso desprovisto de tubérculos dorsales, antena 1 más grande que la antena 2, cabeza con una espina cefálica aguda dorsal dirigida anteriormente en ambos sexos; pereópodos 3 y 4 ausentes; pereópodos 5 - 7 con un par de espinas en el último artículo, gnatópodo 2 del macho elongado.

Material examinado: Se examinó un total de 6 especímenes adultos; 03 machos (R-0380, R-0623, R-0619) y 03 hembras (R-0381, R-0825, R-0826).

Distribución geográfica: Tiene una amplia distribución que abarca el Océano Índico, el Océano Pacífico (con registros en California, Australia, Nueva Zelanda, Hong Kong, Tasmania, Chile, Nueva Caledonia, Indonesia y Filipinas), el Océano Atlántico (incluyendo el Atlántico Norte y Brasil) y el mar Mediterráneo (con presencia en el mar Adriático, Sicilia y Grecia) (Krapp et al. 2006). Especie casi cosmopolita (Guerra-García & Thiel 2001).

Hábitat: Se asocia comúnmente con el briozoo *Bugula neritina*, otros briozoos erectos del género *Scrupocellaria*, algas como *Sargassum* y *Cystoseira*, fanerógamas marinas en la zona infralitoral, esponjas y algas rojas (*Polysiphonia* y *Gracilaria*). Esta especie muestra poca selectividad por el sustrato y presenta cuidado parental (Guerra-García & Thiel 2001).

Coral gorgónido: *Leptogorgia* sp. 2 (06-000375) - R-0380, R-0381. *Leptogorgia* sp. 3

(06-000379) - R-0825. *Leptogorgia* sp. 3 (06-000381) - R-0826, R-0623, R-0619.

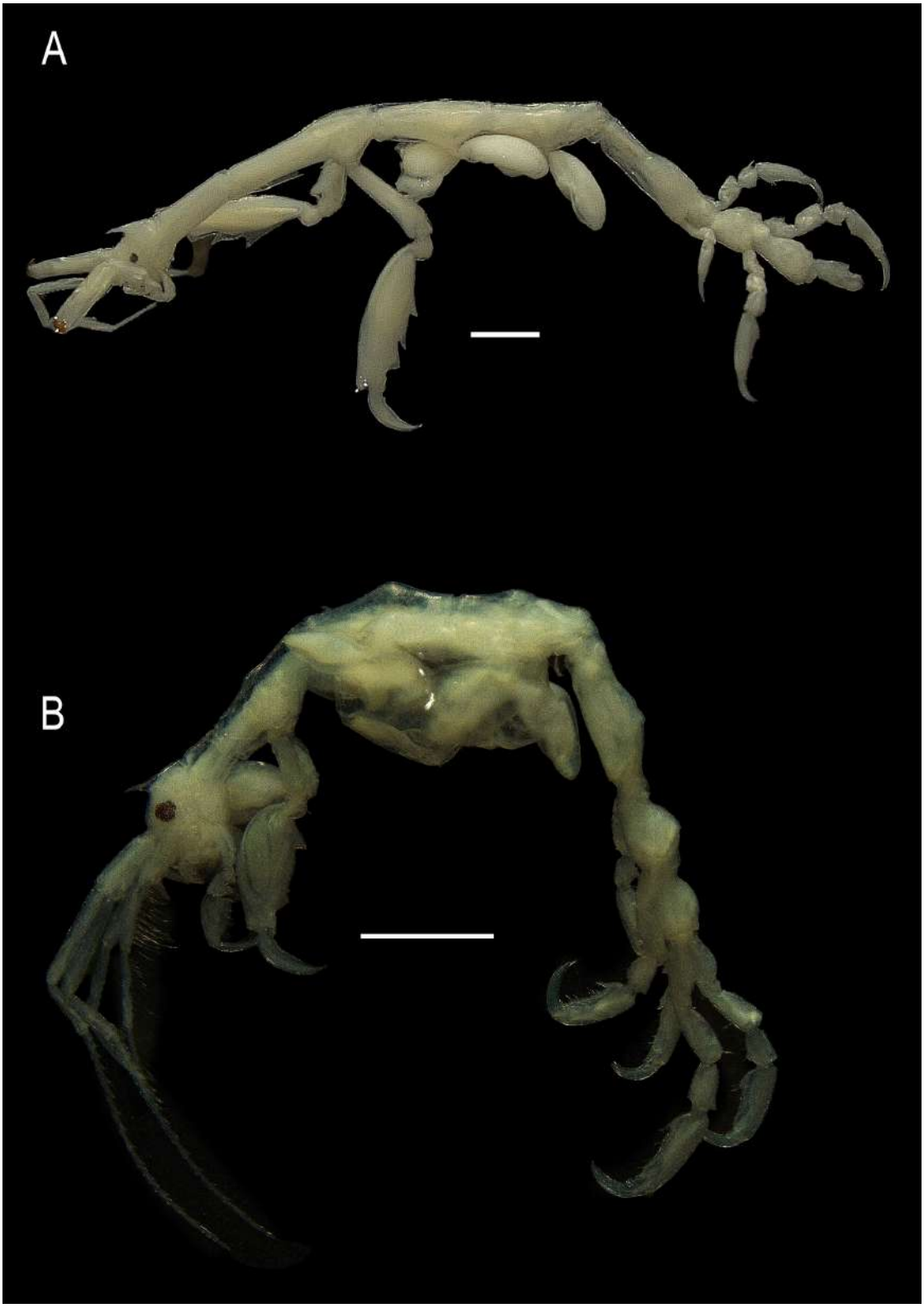


Figura 22. *Caprella scaura* (sensu lato). **A)** Macho (R0380). **B)** Macho (R0825). Escala = 1 mm.

Infraorden **Hadziida** Karaman, 1932

Parvorden **Hadziidira** Karaman, 1943

Superfamilia **Hadzioidea** Karaman, 1943

Familia **Maeridae** Krapp-Schickel, 2008

Género ***Elasmopus*** Costa, 1853

9. ***Elasmopus* cf. *rapax*** Costa, 1853

Macho. Antena 1 más grande que la antena 2, artículo 2 del pedúnculo más largo que los artículos 1 y 3, flagelo accesorio de 3 artículos, flagelo principal compuesto por 21 artículos (Figura 24A). Palpo mandibular; 3-articulado, artículo 2 alargado y más grande que el 3, artículo 3 fuertemente falcado (Figura 24B). Gnatópodo 1; subquelado, margen anterior de la coxa levemente cóncava, propodus subovado, carpus con abundantes setas largas en el margen anterodistal y margen posterior; palma entera y oblicua casi recta muy levemente convexo, presencia de setas largas desde el margen anteromedial hasta el anterodistal del propodus, así como en la zona lateral inferior; ángulo palmar no expandido limitado por 2 setas robustas, resto del margen posterior setoso (Figura 25A). Gnatópodo 2; subquelado con setas largas y finas en el margen anterior del propodus, setas largas en todo el margen posterior pero más escasas en la palma, presenta una protuberancia espinosa en la zona distal de la palma y un diente proximal, la palma se limita con un tercer diente medial (Figura 25B). Margen ventral del segmento 1-3 del epímero con setas muy finas, presencia de espina aguda posteroventral en la esquina del segmento 3. Urópodo 1; pedúnculo más grande que las ramas, rama interna subigual a la rama externa, y una cerda robusta basofacial (Figura 24C). Urópodo 2, pedúnculo más pequeño que la rama interna y casi del mismo tamaño que la rama externa, rama externa más pequeña que la rama interna (Figura 24D). Urópodo 3, rama interna subigual a la rama externa, ambas truncadas distalmente, se observan setas robustas apicales en ambas ramas; además, en la rama externa hay setas robustas agrupadas en el margen

lateral externo, pedúnculo subigual a la rama interna (Figura 24D). Telson laminar y profundamente dividido, lóbulos apicales externos subagudos muy levemente redondeados, y lóbulo interno agudo, pero no finalizando en una punta aguda; del margen dorsal a la altura del lóbulo externo sobresalen 3 setas robustas, la más externa mucho más grande que la seta medial y esta más grande que la interna (Figura 24F).

Hembras. Similar en los caracteres descritos. Sin embargo, difiere en lo siguiente. Gnatópodo 1, la palma es ligeramente menos oblicuo y más convexa (Figura 25C). Gnatópodo 2, ausencia de dientes y protuberancia espinosa, ángulo palmar limitado por 3 espinas robustas (Figura 25D).

Material examinado: Se examinó un total de 2 individuos adultos, 1 macho (R-0824) y 1 hembra (R-0814).

Distribución geográfica: La especie *Elasmopus* cf. *rapax* se ha identificado provisionalmente, y su distribución se refiere a la reportada para *E. rapax*, que tiene una distribución cosmopolita en aguas tropicales y templadas cálidas, abarcando el Mediterráneo (Italia, Sicilia, Grecia, Turquía, Egipto, Túnez, Libia, Argelia, Francia y Mónaco), el mar Rojo, el Atlántico oriental (mar del Norte, Islas Británicas y Canarias), el Atlántico occidental (Caribe, Brasil, Bermudas), el Indo-Pacífico (Golfo de California, Micronesia, India, Corea) y Australia (Nueva Gales del Sur, Australia del Sur y Occidental, incluyendo puertos y bahías). También se encuentra desde la isla Little Cumberland, Georgia, hasta Yucatán, México. (Hughes & Lowry 2010, Lecroy 2000).

Hábitat: Común en sustratos duros como, rocas y corales muertos, además de raíces de manglar, algas, esponjas y fondos arenosos o fangosos. También puede encontrarse ocasionalmente en el caparazón de la tortuga marina *Caretta caretta* (Lecroy 2000).

Coral gorgónido: Registrado en *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000384).

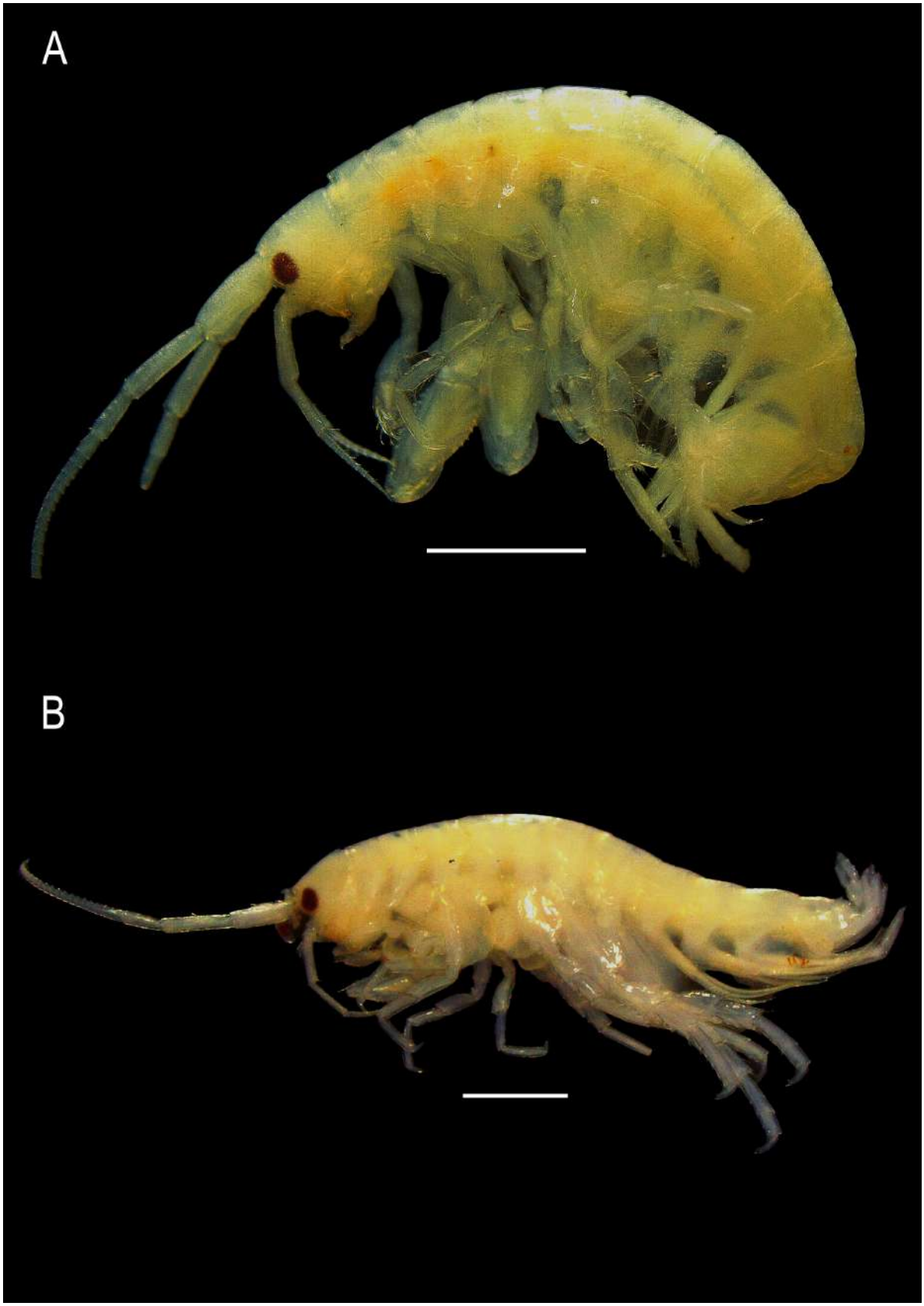


Figura 23. *Elasmopus* cf. *rapax*. **A)** Macho (R-0824). **B)** Hembra (R-0814). Escala: 1 mm.

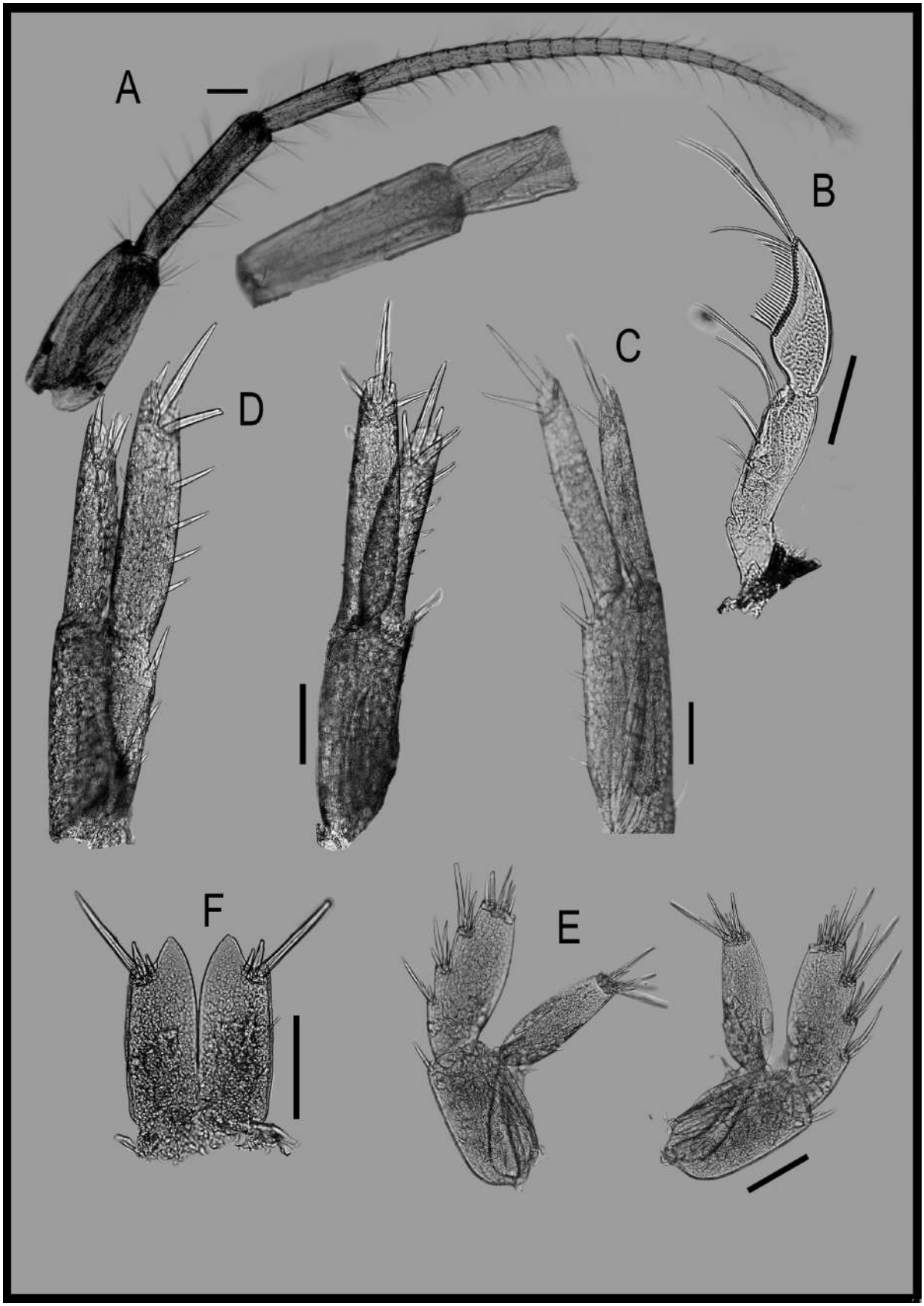


Figura 24. *Elasmopus* cf. *rapax*. Piezas bucales, urópodos y telson. **A)** Hembra adulta (R-0814). **B – E)** Macho adulto (R-0824). **A)** Antena 1 y flagelo accesorio. **B)** Palpo mandibular. **C)** Urópodo 1. **D)** Urópodo 2. **E)** Urópodo 3. **F)** Telson. Escala: 100 um.

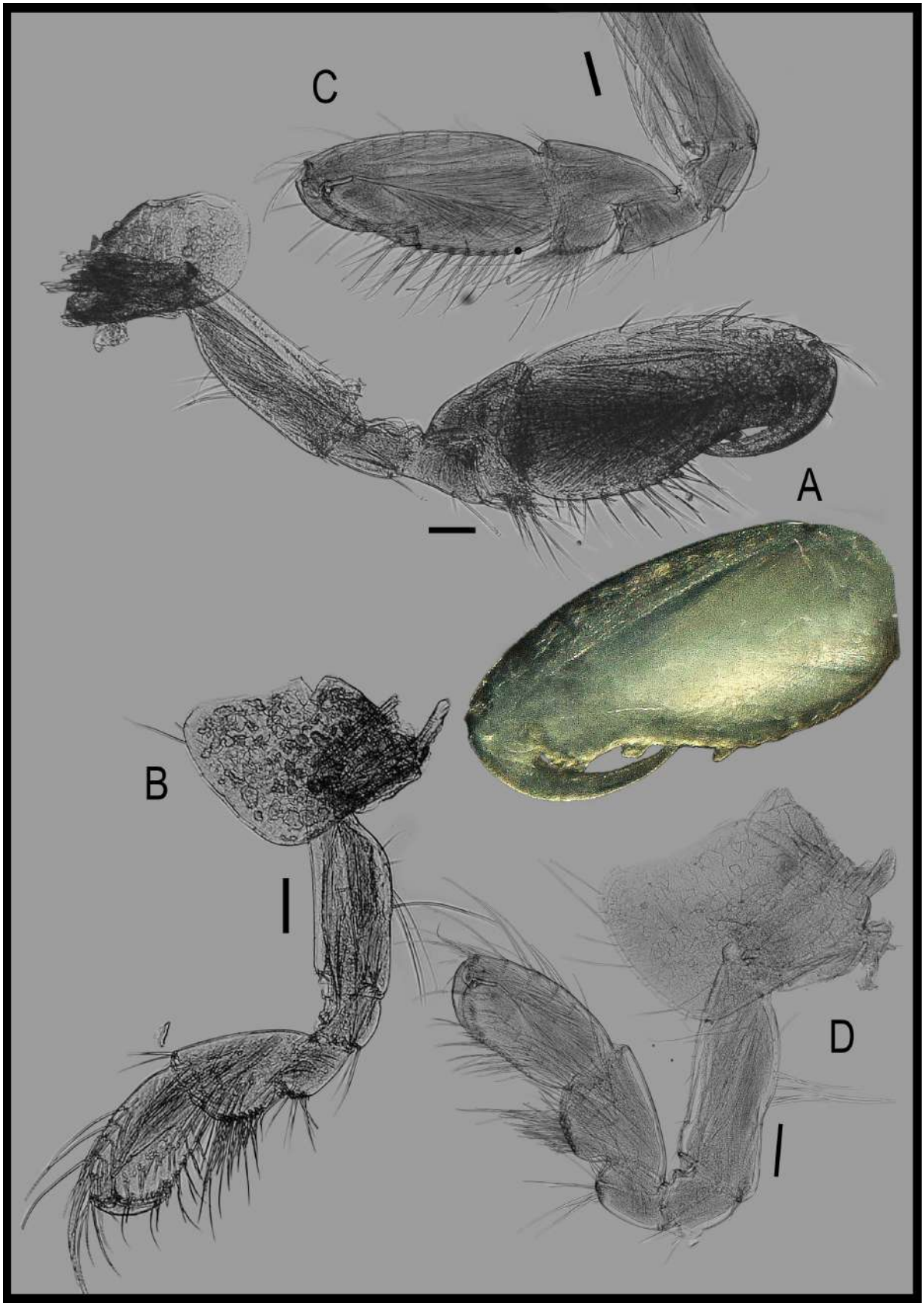


Figura 25. *Elasmopus* cf. *rapax*. Gnatópodo 1 y Gnatópodo 2. **A, C)** Macho adulto (R-0824). **C, D)** Hembra adulta (R-014). **A)** Gnatópodo 1. **B)** Gnatópodo 2. **C)** Gnatópodo 1. **D)** Gnatópodo 2. Escala: 100 um.

Infraorden **Corophiida** Leach, 1814

Parvorden **Caprellidira** Leach, 1814

Superfamilia **Caprelloidea** Leach, 1814

Familia **Podoceridae** Leach, 1814

Género **Podocerus** Leach, 1814

10. ***Podocerus* sp.**

Macho. Cabeza dorsalmente lisa con un lóbulo cefálico subredondeado. Antena 1, 0.38 veces del tamaño de la longitud del cuerpo, flagelo 0.48 veces el tamaño del pedúnculo y el flagelo accesorio monoarticulado 0.23 veces el tamaño del flagelo (Figura 27A). Mandíbula con presencia de palpo triarticulado, artículo 2 y 3 de apariencia robusta y setosos, más largos que anchos (Figura 27D). Maxila 1 carece de placa interna, presenta espinas apicales en el palpo y placa externa, algunas espinas bífidas se observan en la placa externa (Figura 27B). Carinas dorsales robustas en los segmentos pereonales 6 y 7 y segmentos 1 y 2 del pleon, pero sin setas o espinas sobre estas proyecciones; coxas ligeramente contiguas (Figura 26A). Coxa 1 presenta un margen ventral levemente cóncavo y una muesca distintiva, el ángulo anteroventral es agudo (Figura 28D). Gnatópodo 1 más pequeño que el gnatópodo 2, propodus de forma subtriangular, palma indistinta, margen posterior ligeramente cóncavo con abundantes setas robustas y largas en toda su extensión, presencia de una diminuta proyección distal, dáctilo con 4 dientes ganchudos en su margen posterior, extensión de un lóbulo posterior subrectangular del merus con abundantes setas largas y robustas (Figura 28C). Gnatópodo 2 de forma subovalada, palma definida con un borde medial cóncavo rodeado de espinas que finaliza en el ángulo palmar del cual le sobresalen 3 espinas robustas sin presencia de setas, presenta un diente ancho y subcuadrado y dos dientes pequeños en la zona distal de la palma, presencia de un diente subredondeado en la zona proximal del dáctilo que encaja con una concavidad de la zona distal de la palma, merus extendido posterodistalmente, hasta

alcanzar el margen posterior del propodus, con dos espinas robustas en esta extensión (Figura 28A, B). Segmento 1 del urosoma considerablemente más grande que los segmentos 2 y 3, el segmento 3 diminuto, casi imperceptible. Urópodo 1 birrámeo, rama externa más pequeña que interna, ambas ramas con espinas robustas ubicadas a lo largo de toda su extensión, pero en mayor cantidad en la rama interna; presencia de 3 a 4 espinas robustas en el extremo distal de cada rama, pedúnculo con un espolón distoventral entre las ramas (Figura 27F). Urópodo 2 similar al urópodo 1 pero de menor tamaño del pedúnculo y de las ramas (Figura 27G). Urópodo 3 vestigial (Figura 27I). Telson alargado de forma subcónica, distinguible del segmento 3 del urosoma, presenta entre 4 a 7 espinas robustas y largas en la zona posterodistal (figura 27H). Hembras, más pequeñas que los machos y similar en los caracteres descritos. Sin embargo, difiere en lo siguiente. Carinas dorsales no tan robustas en los segmentos pereonales 6 y 7, y segmentos 1 y 2 del pleon. Gnatópodo 1, margen posterior del propodus ligeramente convexo, lóbulo posterior del merus subovalado (Figura 28D). Gnatópodo 2, propodus más pequeño y de forma más redondeada, palma más definida, convexa y finamente denticulada, ausencia del borde medial cóncavo, ángulo palmar agudo con dos espinas robustas, presenta una proyección ancha, subcuadrado y finamente dentado en la zona distal de la palma, la extensión posterodistal del merus es más extendida con presencia de varias setas largas y robustas (Figura 28E). Telson con solo 4 espinas.

Material examinado: Se examinó un total de 5 especímenes adultos, 3 machos (R-0815, R-0819, R-0820) y 2 hembras (R-0816, R-0821).

Distribución geográfica: Habita en ambientes marinos, con una distribución cosmopolita, desde la superficie hasta profundidades de 750 metros (Barnard & Karaman 1991).

Hábitat: Las especies de *Podocerus* suelen habitar comunidades incrustantes que se desarrollan sobre superficies duras, donde se adhieren a organismos como algas, esponjas, hidroides, percebes, gorgonias y otras formaciones incrustantes, predominando

en ambientes caracterizados por una alta dinámica energética (Lecroy 2011).

Coral gorgónido: *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000385) - R-0815, R-0816. *Leptogorgia* sp.2 (06-000376) - R-0819, R-0820, R-0821.

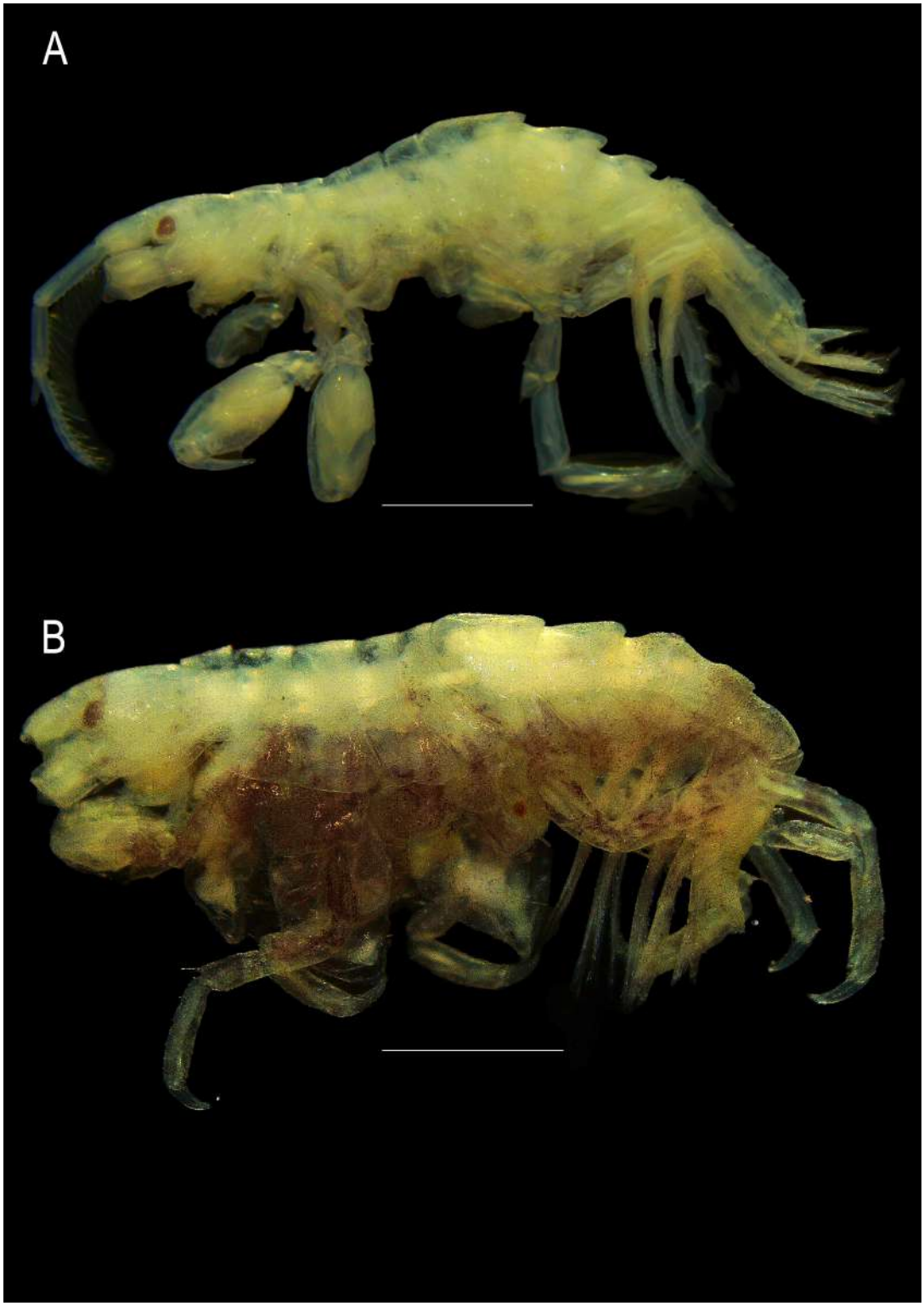


Figura 26. *Podocerus* sp. **A)** Macho (R-0815). **B)** Hembra (R-0816). Escala: 1mm.

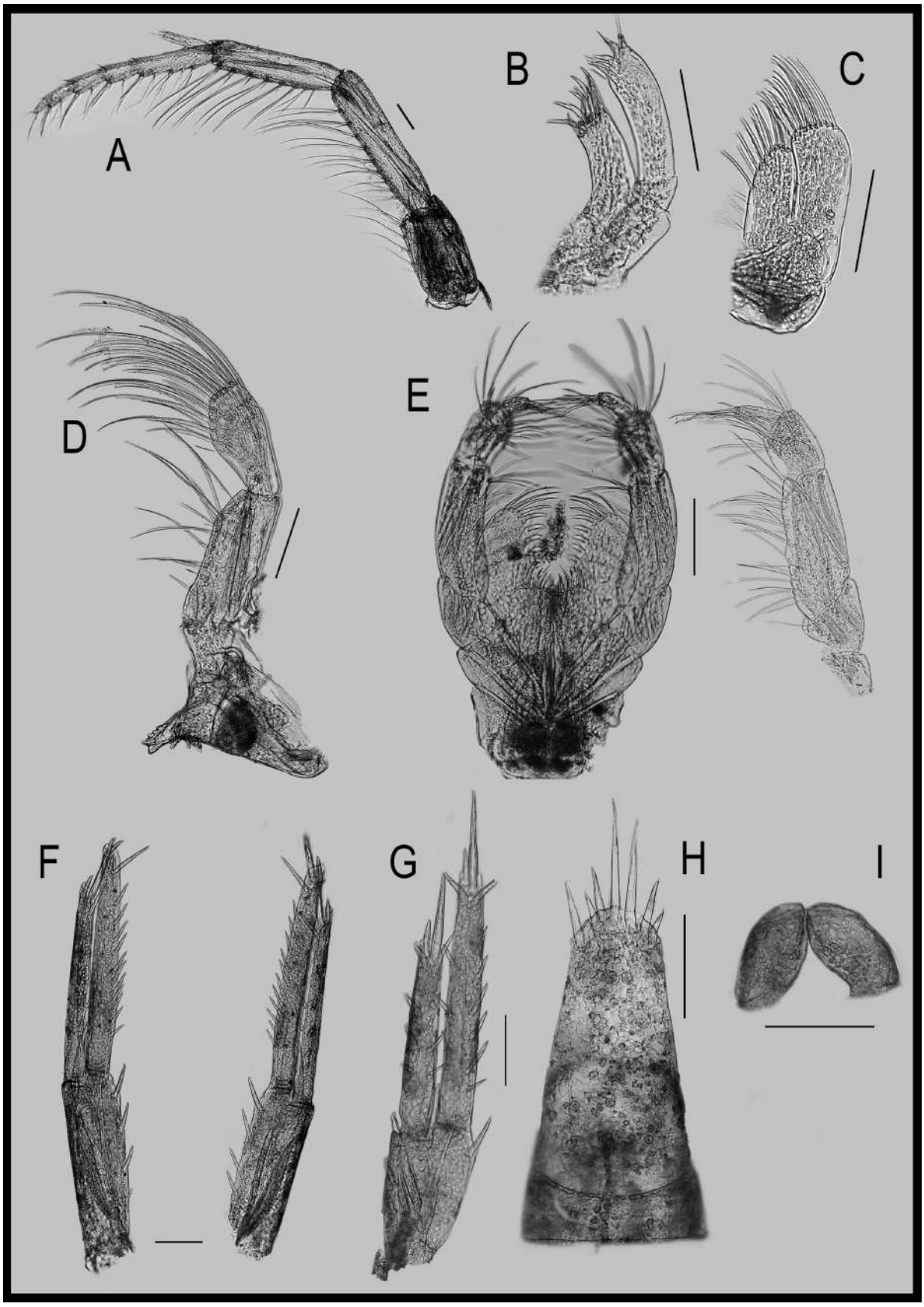


Figura 27. *Podocerus* sp. Piezas bucales, Urópodos y telson. **A – I)** Macho adulto (R-0815). **A)** Antena 1. **B)** Maxila I. **C)** Maxila II. **D)** Palpo mandibular. **E)** Maxilípedo y palpo. **F)** Urópodo 1. **G)** Urópodo 2. **H)** Telson. **I)** Urópodo 3 Escala: 100 um.

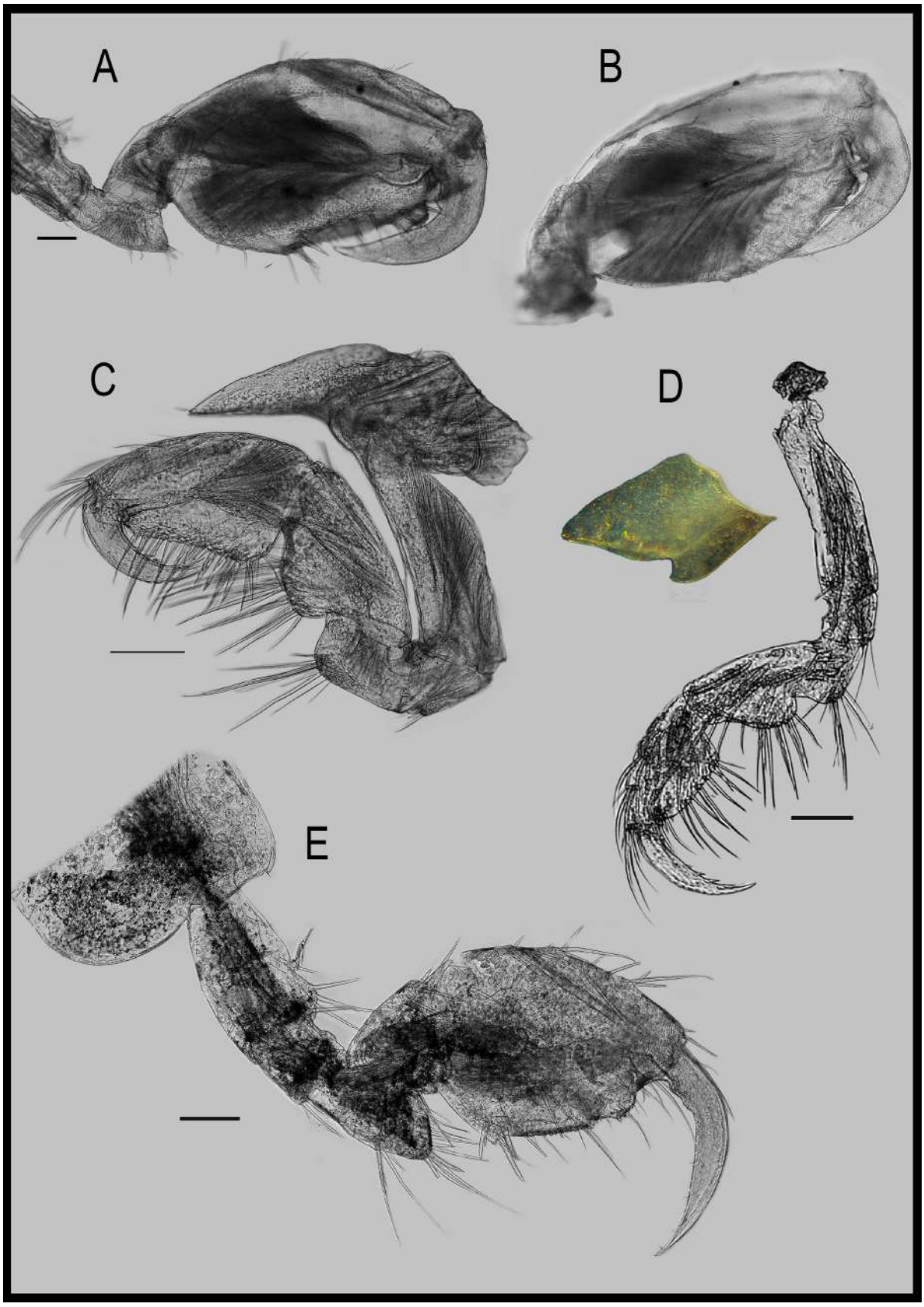


Figura 28. *Podocerus* sp. Gnatópodo 1 y Gnatópodo 2. **A – C)** Macho adulto (R-0815). **D – E)** Hembra adulta (R-0816). **A)** Vista lateral del propodus del Gnatópodo 2. **B)** Vista anterolateral del propodus del Gnatópodo 2. **C)** Gnatópodo 1. **D)** Gnatópodo 1 y coxa 1. **E)** Gnatópodo 2. Escala: 100 um.

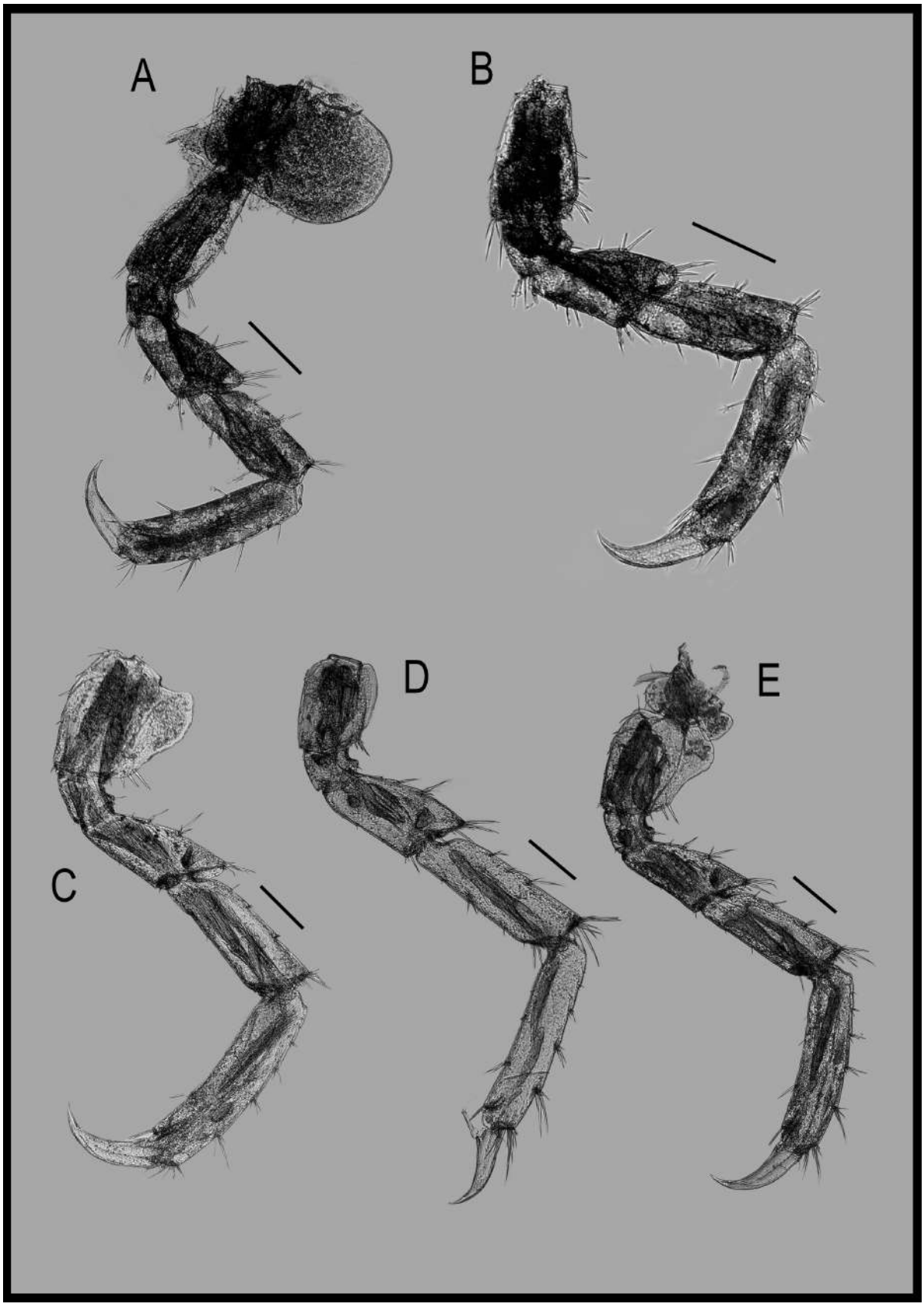


Figura 29. *Podocerus* sp. Pereópodos. **A – B)** Hembra adulta (R-0816). **C – E)** Macho adulto (R-0815). **A)** Pereópodo 3. **B)** Pereópodo 4. **C)** Pereópodo 5. **D)** Pereópodo 6. **E)** Pereópodo 7. Escala: 200 um.

Suborden **Amphilochidea** Boeck, 1871

Infraorden **Amphilochida** Boeck, 1871

Parvorden **Amphilochidira** Boeck, 1871

Superfamilia **Amphilochoidea** Boeck, 1871

Familia **Stenothoidae** Boeck, 1871

Género **Stenothoe** Dana, 1852

11. ***Stenothoe* cf. *georgiana*** Bynum y Fox, 1977

Macho. Antenas subiguales, la antena 1 más grande que la antena 2; ausencia de flagelo accesorio. Mandíbulas asimétricas, la derecha con 5 dientes en el incisor; el incisor de la mandíbula izquierda con doble fila de dientes finos (Figura 33A). Maxila 1, placa interna muy pequeña con una sola seta en su margen, placa externa notoria con 6 espinas grandes y robustas, y una cerda de setas finas; palpo biarticulado, el artículo 2 es 2.2 veces más grande que el artículo 1 con 5 a 6 setas ubicadas en la zona media y distal, ausencia de setas en el artículo 1. Maxila 2; pequeña de forma reniforme, biarticulada, el artículo 1 con 1 seta medial, el artículo 2 con 4 a 5 setas largas y apicales (Figura 33B). Maxilípedo; placa interna pequeña, isquium sin setas distolaterales y más grande que la fusión del artículo 1 y 2 del palpo; artículo 3 más grande que el 2 y este más grande que el 1 (Figura 33C1, C2). Gnatópodo 1; coxa más pequeña que el propodus, posee una palma oblicua y ligeramente convexa, el ángulo palmar presenta tres espinas robustas, el margen posterior restante es levemente cóncavo, el dáctilo encaja en la palma y no la sobrepasa, el lóbulo posterodistal del merus no alcanza el margen distal del carpus (Figura 34A). Gnatópodo 2; coxa más grande que el propodus, tiene una palma distinguiblemente cóncava con algunas pocas setas, ángulo palmar expandido y lobulado con 4 a 6 espinas robustas, el resto del margen posterior es casi recto, muy levemente cóncavo, desprovisto de setas o espinas, ausencia de un diente distal palmar; el margen posterior del merus es entero y no crenulado, el lóbulo posterodistal del carpus es extendido y

alcanza menos de la mitad del margen posterior del propodus (Figura 34C). Basis del pereópodo 6 y 7 con un margen posterior convexo y crenulado, pero la curvatura más pronunciada en el pereópodo 7, el lóbulo posterodistal del merus del pereópodo 5, 6 y 7 no alcanza más de la mitad del carpus (Figura 35C, D, E). Urópodo 1; birrámeo, ramas del mismo tamaño o subiguales, poseen de 2 a 3 espinas a lo largo de su margen en cada rama, se observa un pequeño espolón distal en el pedúnculo (Figura 33E1, E2). Urópodo 2; birrámeo, la rama externa más pequeña que la interna y cada rama tiene 1 a 2 espinas en sus márgenes, rama interna más grande que el pedúnculo (Figura 33F). Urópodo 3; unirrámeo, rama biarticulada; pedúnculo ligeramente más grande que el artículo 1 pero más corto que la rama, presenta de 1 a 2 espinas dorsales y 2 distales; el primer artículo de la rama posee 1 espina dorsal o no posee ninguna y posee 2 de espinas distales (Figura 33G1). Telson, tiene una forma de lengua con un ápice agudo con 2 pares de espinas dorsolaterales muy cerca de los bordes (Figura 33D).

Hembras. Más pequeñas que los machos y similar en los caracteres descritos. Sin embargo, difiere en lo siguiente. Gnatópodo 1; la palma es ligeramente menos convexa y el margen posterior restante tiene una menor concavidad, lo que resulta en una apariencia triangular (Figura 35B). Gnatópodo 2; palma oblicua convexa, ángulo palmar con 3 setas robustas, el resto del margen posterior es convexo (Figura 35D). Urópodo 1; posee 2 espinas a lo largo del margen de sus ramas. Urópodo 3; pedúnculo ligeramente más pequeño que el artículo 1 (Figura 33G2).

Material examinado: Se examinó un total de 22 individuos adultos, 13 machos (R-0395, R-0397, R-0624, R-0398, R-0799, R-0800, R-0801, R-0804, R-0805, R-0806, R-0809, R-0810 y R-0811) y 09 hembras (R-0631, R-0632, R-0797, R-0802, R-0803, R-0807, R-0808, R-0812 y R-0813).

Distribución geográfica: La especie *Stenothoe* cf. *georgiana* se ha identificado provisionalmente y su distribución se refiere a *Stenothoe georgiana*. Es común en comunidades

fouling de bahías y estuarios de Carolina del Norte, con registros adicionales en zonas de Georgia, Florida y Brasil (Bynum & Fox 1977). Además, ha sido identificada como especie exótica en el Mediterráneo y en el mar interior de la Región de Los Lagos, Chile (Pérez-Schultheiss & Ibarra 2017).

Hábitat: Esta especie se encuentra en comunidades de biofouling, asociada a esponjas, briozoos (Bynum & Fox 1977) y también a la gorgonia*Pterogorgia anceps* en fondos de escombros de coral, donde crecen algas y pastos marinos. *Stenothoe georgiana* habita en zonas intermareales y hasta los 5 m de profundidad, en aguas de salinidad media a alta (Lecroy 2011).

Coral gorgónido: *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000383) - R-0398, R-024, R-0799, R-0800, R-0801, R-0797, R-0802, R-0803, R-0807, R-0395, R-0397, R-0632. *Psammogorgia* cf. *arbuscula* (06-000384) - R-0804, R-0806, R-0805, R-0807, R-0810, R-0811, R-0808, R-0812, R-0813.

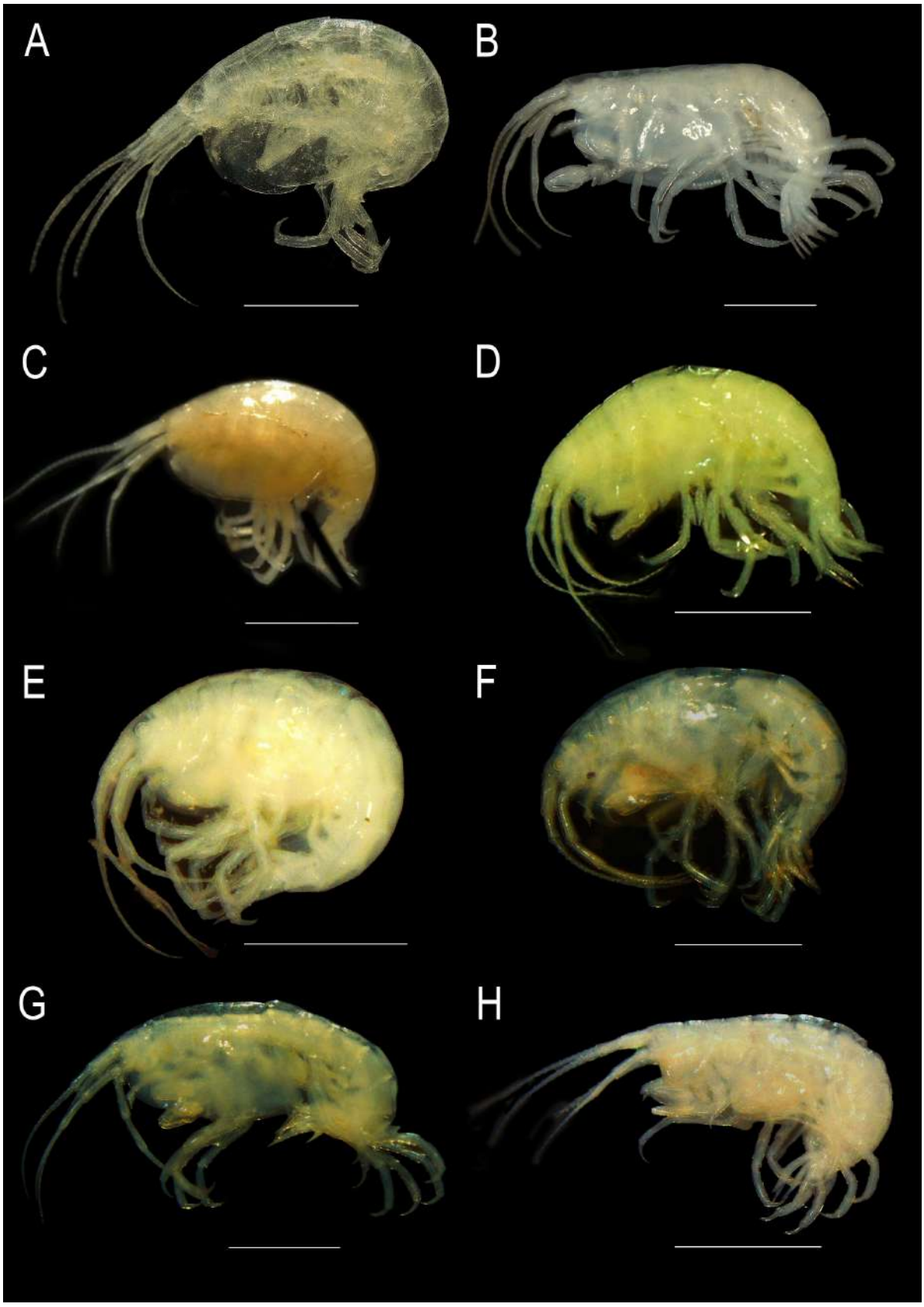


Figura 30. *Stenothoe* cf. *georgiana*. **A)** Macho (R-0397). **B)** Macho (R-0624). **C)** Macho (R-0398). **D)** Macho (R-0799). **E)** Macho (R-0800). **F)** Macho (R-0801). **G)** Macho (R-0804). **H)** Macho (R-0805). Escala: 1 mm.

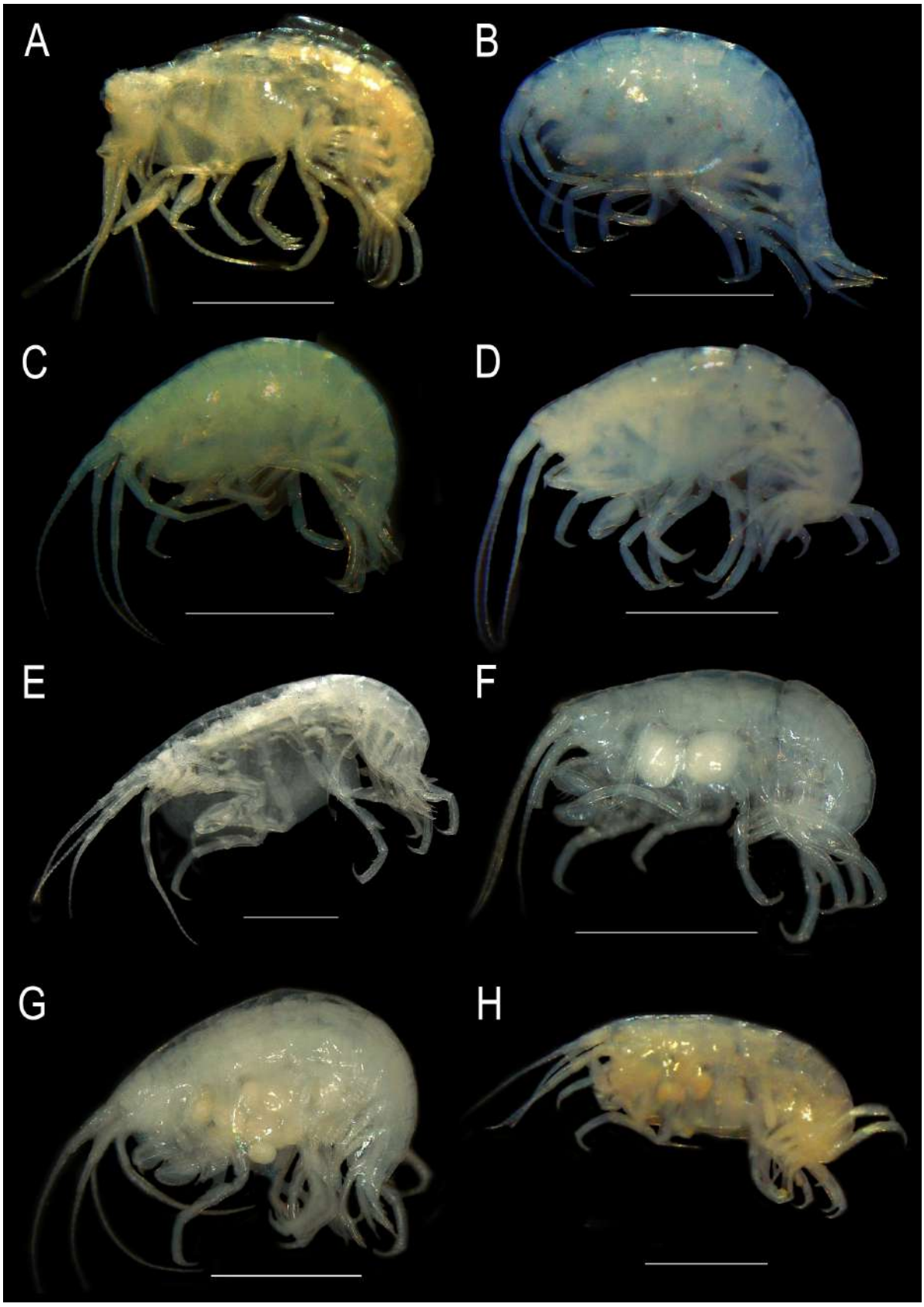


Figura 31. *Stenothoe* cf. *georgiana*. **A)** Macho (R-0806). **B)** Macho (R-0809). **C)** Macho (R-0810). **D)** Macho (R-0811). **E)** Macho (R-0395). **F)** Hembra (R-0631). **G)** Hembra (R-0632). **H)** Hembra (R-0797). Escala: 1mm

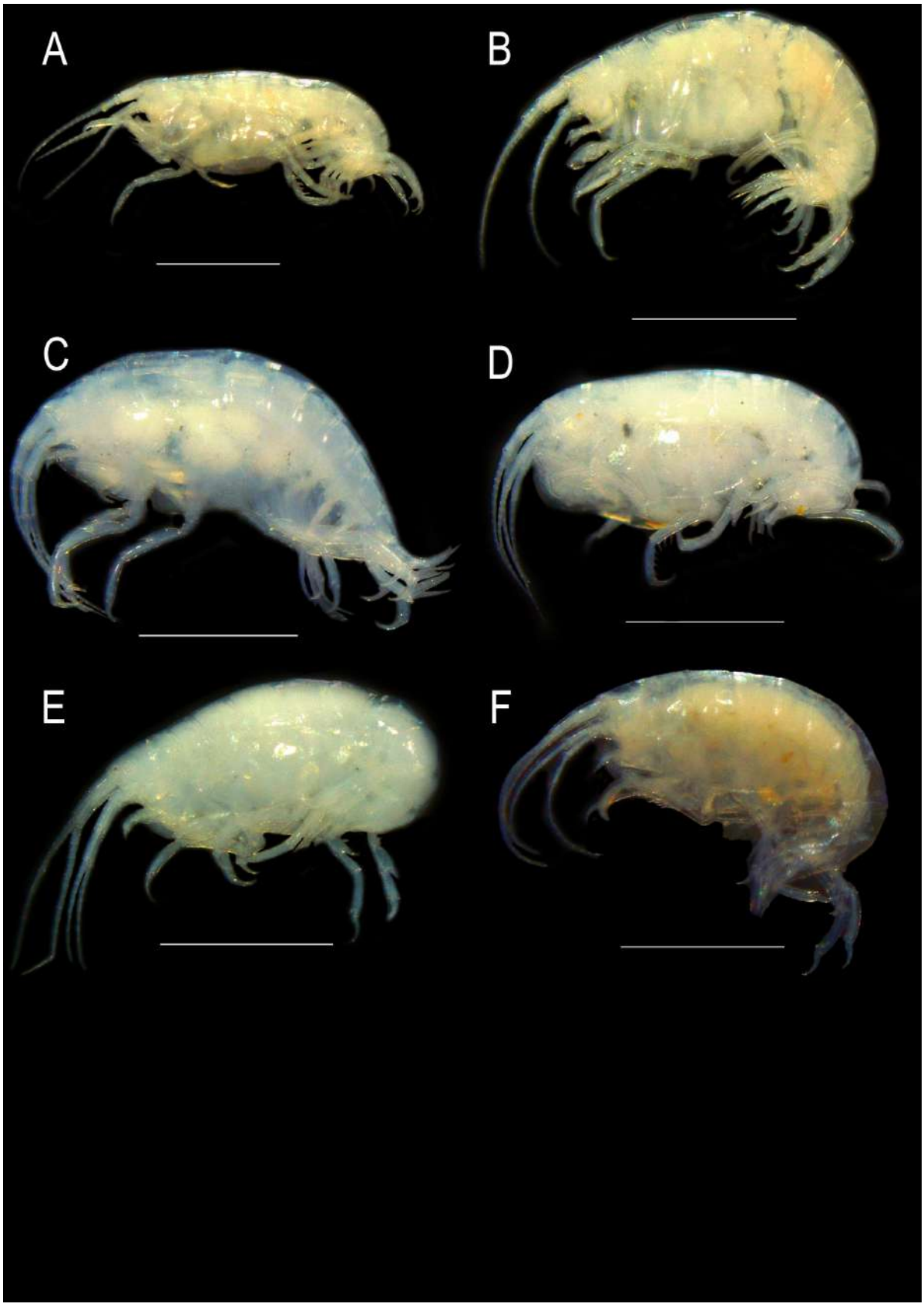


Figura 32. *Stenothoe* cf. *georgiana*. **A)** Hembra (R-0802). **B)** Hembra (R-0803). **C)** Hembra (R-0807). **D)** Hembra (R-0808). **E)** Hembra (R-0812). **F)** Hembra (R-0813). Escala: 1 mm.

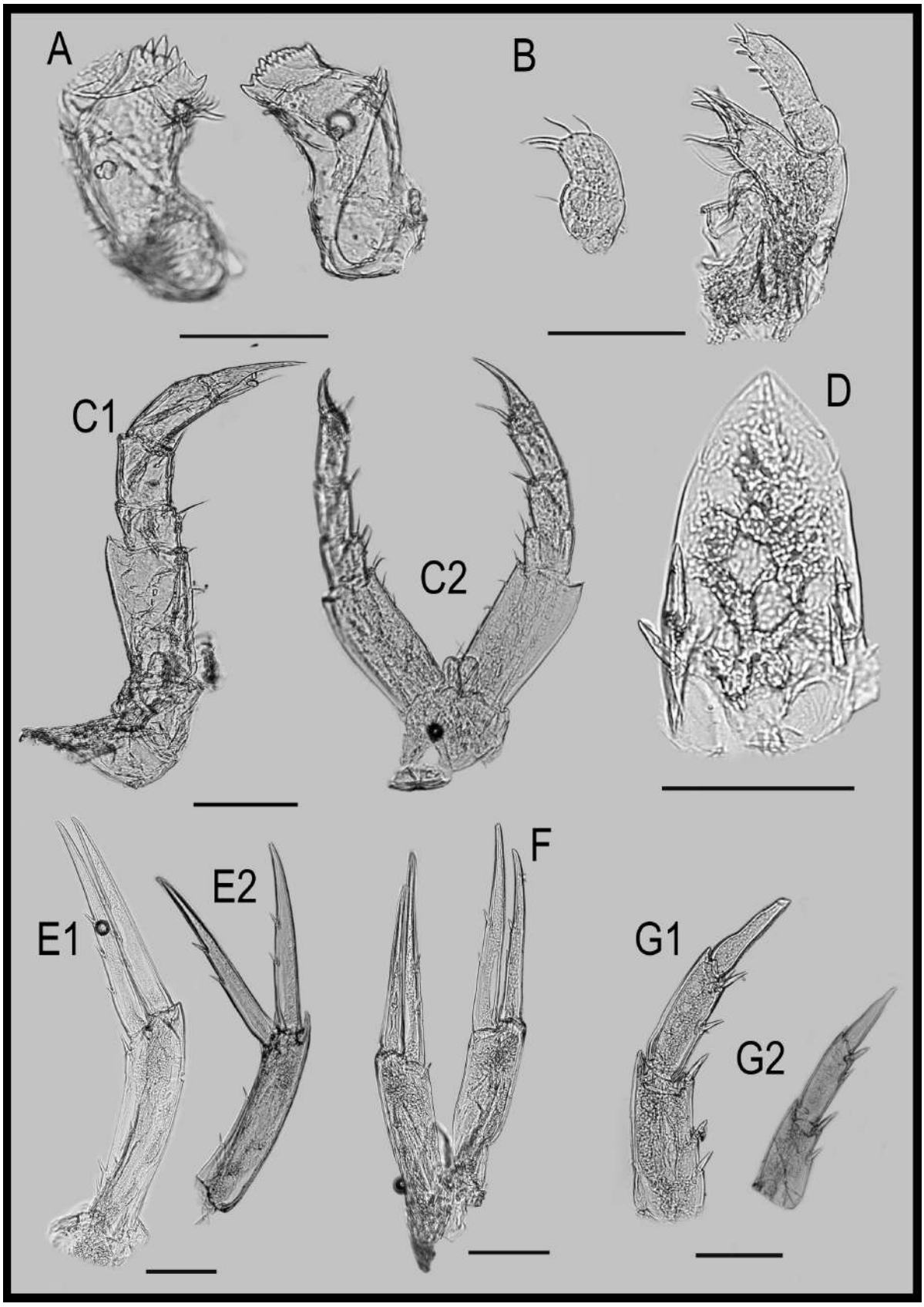


Figura 33. *Stenothoe* cf. *georgiana*. Piezas bucales, Urópodos y telson. **A, C1, D, E1)** Macho adulto (R-0397). **B, E2, F, G1)** Macho adulto (R-0395). **C2–G2)** Hembra adulta (R-0797). **A)** Mandíbulas. **B)** Maxila I y Maxila II. **C1–C2)** Maxilípedos. **D)** Telson. **E1–E2)** Urópodo 1. **F)** Urópodo 2. **G1–G2)** Urópodo 3. Escala: 100 um.

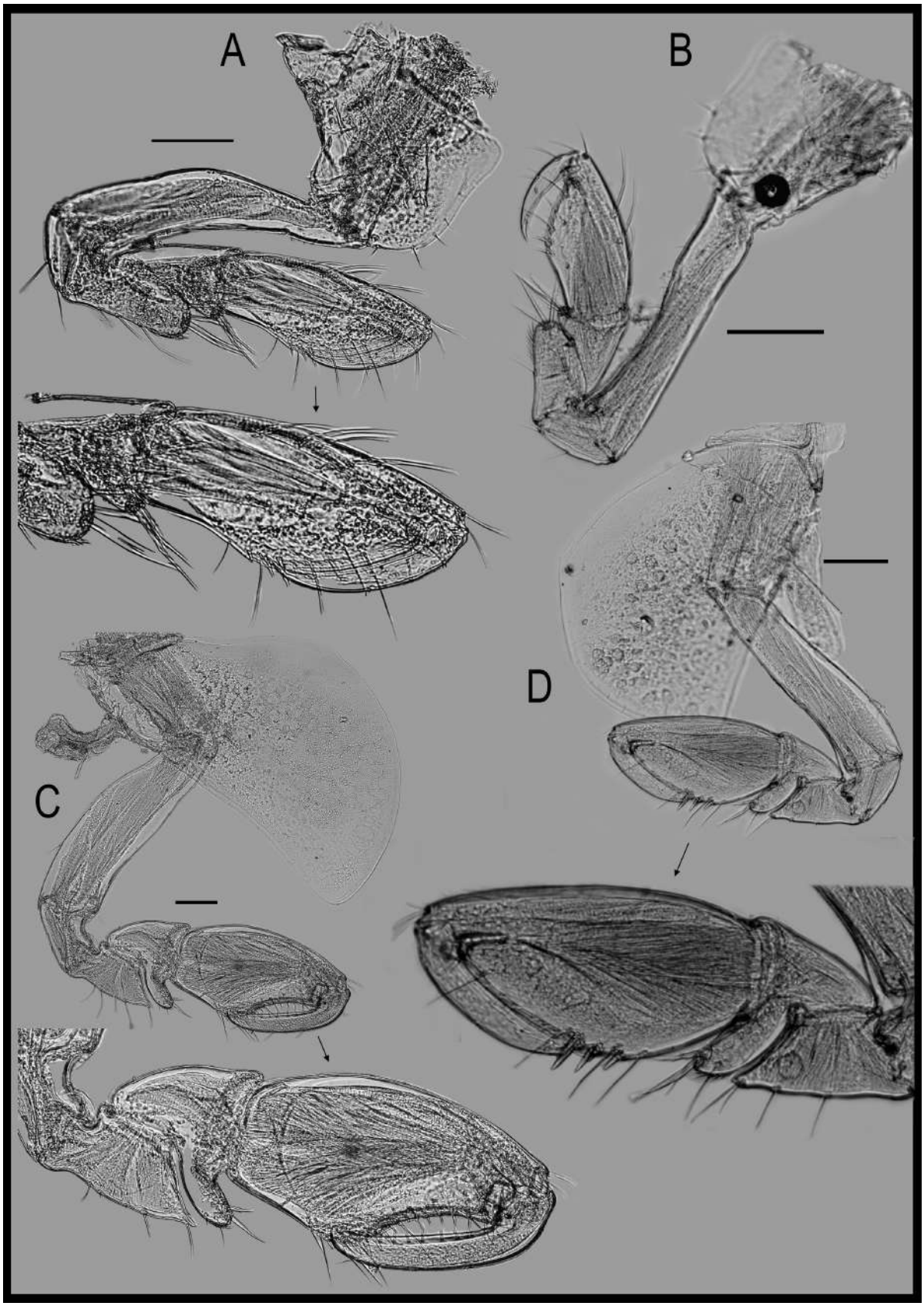


Figura 34. *Stenothoe* cf. georgiana. Gnatópodo 1 y Gnatópodo 2. **A, C)** Macho adulto (R-0395). **B, D)** Hembra adulta (R-0808). **A)** Gnatópodo 1. **B)** Gnatópodo 1. **C)** Gnatópodo 2. **D)** Gnatópodo 2. Escala: 100 um.

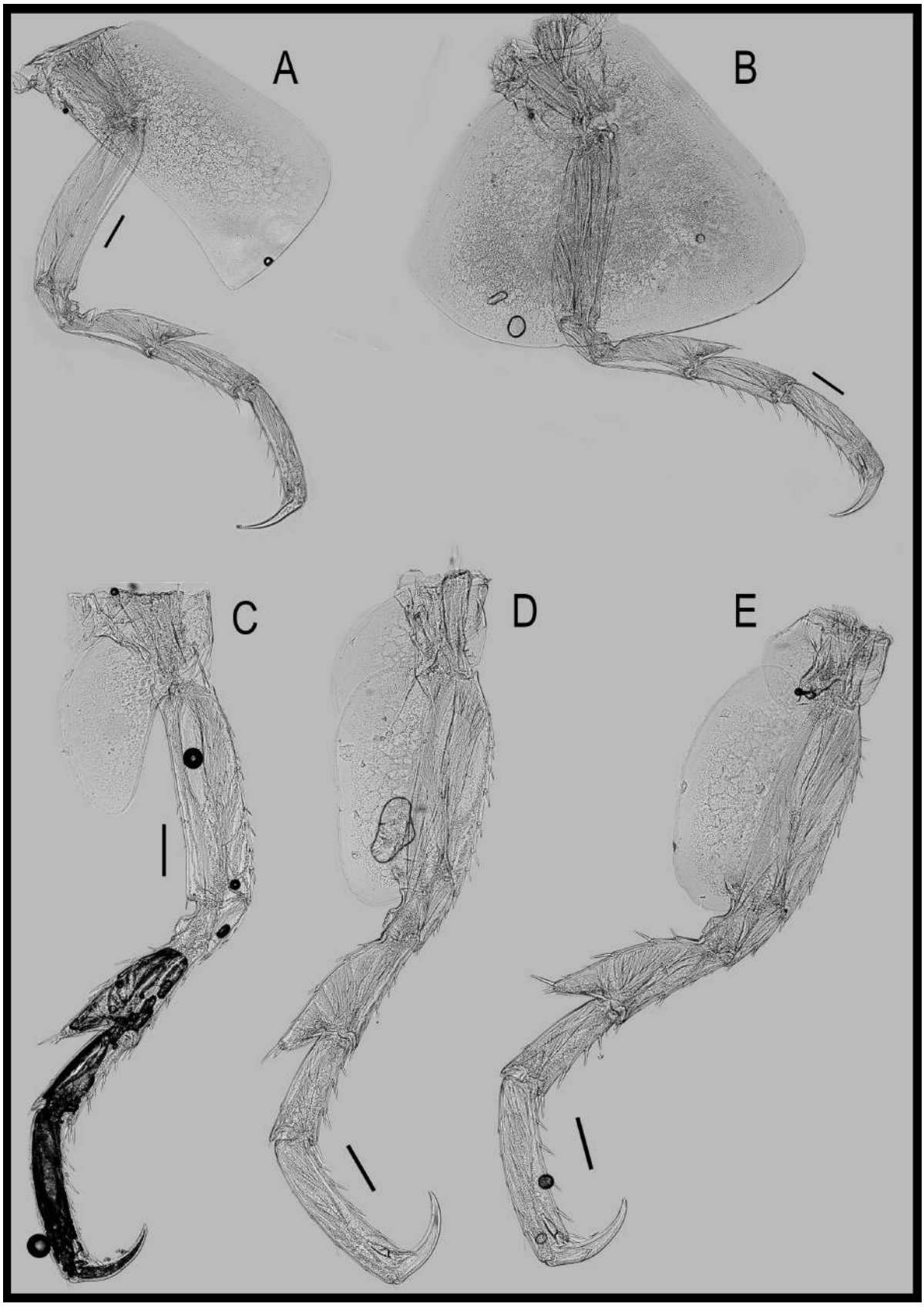


Figura 35. *Stenothoe* cf. *georgiana*. Pereópodos. **A – E)** Macho adulto (R-0395). **A)** Pereópodo 3. **B)** Pereópodo 4. **C)** Pereópodo 5. **D)** Pereópodo 6. **E)** Pereópodo 7. Escala: 100 um.

6.2. Código de barras de ADN

Se obtuvieron un total de 26 secuencias de ADN correspondientes a distintos taxones de crustáceos asociados a corales gorgónidos. Estos ejemplares fueron seleccionados entre más de 200 individuos colectados en 11 colonias de gorgonias, distribuidas en 4 estaciones de muestreo (Tabla 3). La elevada cantidad de individuos que se colecto fue debido a la necesidad de capturar la variabilidad morfológica y genética de la fauna asociada, debido a que las colonias en forma de arbusto —morfotipo predominante en Isla Foca— albergan una alta densidad de organismos asociados, principalmente crustáceos, como lo reporta Soler et al. (2018).

De todos los taxones identificados por morfología, se logró obtener secuencias de ADN para nueve taxones. En los casos de *Podocerus* sp., *Elasmopus* cf. *rapax* y el individuo de la familia pleustidae, no fue posible recuperar secuencias del gen COI. Las secuencias obtenidas fueron comparadas con las bases de datos BOLD y GenBank para su validación molecular.

La especie *Synalpheus spinifrons* mostró correspondencia taxonómica en ambas plataformas, con un 95.59% de similitud. De igual forma, *Stenorhynchus debilis* presentó una similitud del 99.65% en BOLD. Sin embargo, en GenBank la secuencia mostró el mayor porcentaje de similitud con registros del género *Ptychognathus* Aun cuando existen registros del *Stenorhynchus* (taxid: 1532931) y de 3 especies pertenecientes a este género (*S. setocornis* taxid: 1532932, *S. natalensis* taxid: 327965 y *S. ruficauda* taxid: 58197). Al realizar la búsqueda específica con el algoritmo BLASTn, no se detectaron coincidencias significativas con dichas secuencias (“No significant similarity found”) (Tabla 7).

Se obtuvieron siete secuencias correspondientes a la especie *Teleophrys tumidus*. En BOLD, coincidieron con la especie *Microphrys weddelli*, con niveles de similitud entre 98.77% y 99.53%. En cambio, en GenBank, las mismas secuencias mostraron mayor similitud con registros de la especie *Teleophrys ornatus* Rathbun, 1901, con valores de entre 86.68% y 88.55%. *Acanthonyx* sp. mostró coincidencia con la especie *Acanthonyx petiverii* H. Milne Edwards, 1834 tanto en BOLD como en GenBank, con valores de similitud de 99.85% y 88.16%, respectivamente. Del mismo modo, *Pilumnus* sp. coincidió con este mismo nombre en BOLD con un 100% de similitud, mientras que en GenBank mostró su mayor similitud con *Menippe mercenaria* (Say, 1818), con un 86.82%.

Para *Conopea* sp. se obtuvieron cinco secuencias. Cuatro de ellas coincidieron en BOLD con *Conopea galeata* (Linnaeus, 1771), y una con *Conopea* cf. *galeata*, con valores de similitud entre 91.89% y 92.45%. En GenBank, las coincidencias fueron similares, oscilando entre 90.06% y 92.07%. Dos secuencias correspondientes al mismo morfotipo de la subfamilia Archaeobalaninae coincidieron en ambas plataformas con registros de la especie *Conopea saotomensis* Carrison-Stone et al. 2013, con valores de similitud entre 87.21% y 87.69%.

Seis secuencias correspondieron a *Stenothoe* cf. *georgiana*. Estas no presentaron coincidencias en BOLD, mientras que en GenBank las comparaciones arrojaron como resultado de mayor similitud con secuencias de *Stenothoe valida* Dana, 1853, con valores entre 78.95% a 80.31%. Finalmente, se obtuvieron dos secuencias para *Caprella scaura* s.l., las cuales coincidieron en ambas plataformas con la especie *Caprella californica* Stimpson, 1856, presentando similitudes entre 88.87% y 89.28%.

Tabla 7. Comparación de identificación de especies entre BOLD y GenBank (BLASTn). Los * indican secuencias privadas en BOLD. Los valores numéricos resaltados en negrita corresponden al número de pares de bases de las secuencias de ADN.

CÓDIGO	ESPECIE	ID especie (BOLD)	ProcessID	%ID (BOLD)	ID especie (GenBank)	Accession Number	%ID (GenBank)
R-0399	*Synalpheus spinifrons* **(657 pb)**	*Synalpheus spinifrons*	KHALP085-12*	95.59	*Synalpheus spinifrons*	KJ595146.1	95.59
R-0372	*Stenorhynchus debilis* **(566 pb)**	*Stenorhynchus debilis*	IVMAR010-21*	99.65	*Ptychognathus* sp.	MW000787.1	82.42
R-0373	*Teleophrys tumidus* **(642 pb)**	*Microphrys weddelli*	PMINV827-20*	99.22	*Teleophrys ornatus*	KF452931.1	88.32
R-0375	*Teleophrys tumidus* **(653)**	*Microphrys weddelli*	PMINV827-20*	98.77	*Teleophrys bicornutus*	KP254259.1	86.68
R-0382	*Teleophrys tumidus* **(655 pb)**	*Microphrys weddelli*	PMINV827-20*	98.93	*Teleophrys ornatus*	KF452931.1	88.55
R-0383	*Teleophrys tumidus* **(655 pb)**	*Microphrys weddelli*	PMINV824-20*	99.24	*Teleophrys ornatus*	KF452931.1	88.24
R-0384	*Teleophrys tumidus* **(637 pb)**	*Microphrys weddelli*	PMINV824-20*	99.53	*Teleophrys ornatus*	KF452931.1	88.38
R-0385	*Teleophrys tumidus* **(658 pb)**	*Microphrys weddelli*	PMINV824-20*	99.39	*Teleophrys ornatus*	KF452931.1	88.45
R-0387	*Teleophrys tumidus* **(655 pb)**	*Microphrys weddelli*	PMINV824-20*	99.39	*Teleophrys ornatus*	KF452931.1	88.55
R-0378	*Acanthonyx* sp. **(656 pb)**	*Acanthonyx petiverii*	PMINV1075-21*	99.85	*Acanthonyx petiverii*	MN184066.1	88.16
R-0386	*Pilumnus* sp. **(657 pb)**	*Pilumnus*	BMAR459-19*	100	*Menippe mercenaria*	MW094181.1	86.82
R-0376	*Conopea* sp. **(654 pb)**	*Conopea galeata*	LAUOA746-21*	92.45	*Conopea galeata*	JQ966288.1	90.06
R-0377	*Conopea* sp. **(653 pb)**	*Conopea galeata*	LAUOA746-21*	92.45	*Conopea galeata*	JQ966288.1	90.33
R-0839	*Conopea* sp. **(588 pb)**	*Conopea* cf. *galeata*	GBCX823-12	91.89	*Conopea* cf. *galeata*	HQ290144.1	91.56
R-0840	*Conopea* sp. **(627 pb)**	*Conopea* cf. *galeata*	GBCX823-12	92.07	*Conopea* cf. *galeata*	HQ290144.1	92.07
R-0842	*Conopea* sp. **(658 pb)**	*Conopea galeata*	LAUOA746-21	92.24	*Conopea galeata*	JQ966288.1	90.09
R-0841	Archeobalaninae **(592 pb)**	*Conopea saotomensis*	GBA14268-13	87.69	*Conopea saotomensis*	KC349922.1	87.29
R-0843	Archeobalaninae **(658 pb)**	*Conopea saotomensis*	GBA14268-13	87.4	*Conopea saotomensis*	KC349922.1	87.21
R-0624	*Stenothoe* cf. *georgiana* **(658 pb)**	-	-	-	*Stenothoe valida*	OQ322684.1	79.79
R-0631	*Stenothoe* cf. *georgiana* **(658 pb)**	-	-	-	*Niphargus kenki*	OK156605.1	78.95
R-0632	*Stenothoe* cf. *georgiana* **(650 pb)**	-	-	-	*Stenothoe valida*	OQ322684.1	79.47
R-0397	*Stenothoe* cf. *georgiana* **(605 pb)**	-	-	-	*Stenothoe valida*	OQ322684.1	80.31
R-0398	*Stenothoe* cf. *georgiana* **(657 pb)**	-	-	-	*Stenothoe valida*	OQ322684.1	79.79
R-0395	*Stenothoe* cf. *georgiana* **(624 pb)**	-	-	-	*Stenothoe valida*	OQ322684.1	79.77
R-0380	*Caprella scaura* s.l. **(658 pb)**	*Caprella californica*	GBCM1877-14	89.28	*Caprella californica*	KF743393.1	88.91
R-0381	*Caprella scaura* s.l. **(619 pb)**	*Caprella californica*	GBCM1877-14	89.11	*Caprella californica*	KF743393.1	88.87

6.2.1. Comparación entre las secuencias del presente estudio

Las distancias genéticas calculadas entre las secuencias mostraron variaciones marcadas entre los taxones evaluados. La menor distancia intraespecífica se registró en archaeobalaninae (0.00%, n = 2), mientras que la mayor fue en *Stenothoe* cf. *georgiana* (14.12%, n = 6). En cuanto a las distancias interespecíficas, la divergencia mínima fue de 18.45% entre *Teleophrys tumidus* y *Pilumnus* sp., y la máxima alcanzó 40.75% entre *Caprella scaura* s.l. y *Stenothoe* cf. *georgiana* (Tabla 8), lo cual respalda la presencia de un *barcode gap* definido (Figura 36 A).

Tabla 8. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en % bajo el modelo K2P. Secuencias del presente estudio. Media intra = distancia genética media intraespecífica; Máx. intra = distancia genética máxima intraespecífica; NN = "Nearest Neighbor"; distancia a NN = Distancia genética al NN. Los símbolos "–" indican valores no calculables, debido a que esos taxones estuvieron representados por una única secuencia

Taxón	Media intra	Máx. intra	NN	Distancia a NN
Secuencias del presente estudio				
Acanthonyx sp.	–	–	*Teleophrys tumidus*	20.62
Archaeobalaninae	0.00	0.00	*Conopea* sp.	18.80
Caprella scaura s.l.	0.34	0.34	*Stenothoe* cf. *georgiana*	40.75
Conopea sp.	0.61	0.84	Archaeobalaninae	18.80
Teleophrys tumidus	0.94	1.42	*Pilumnus* sp.	18.45
Pilumnus sp.	–	–	*Teleophrys tumidus*	18.45
Stenothoe cf. *georgiana*	8.18	14.12	*Conopea* sp.	35.56
Stenorhynchus debilis	–	–	*Teleophrys tumidus*	22.30
Synalpheus spinifrons	–	–	*Teleophrys tumidus*	21.74

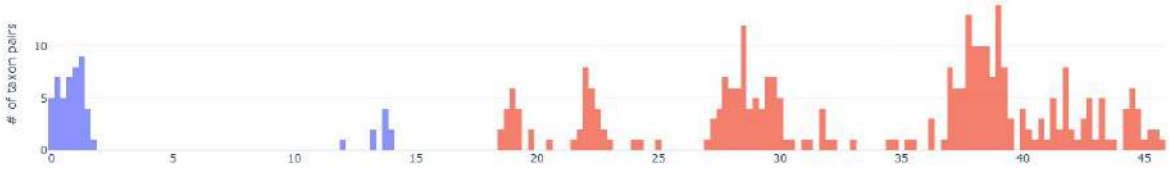


Figura 36. *Barcode gap* entre las secuencias de COI obtenidas en este estudio. El color azul claro hace referencia a las distancias intraespecíficas y el color naranja a las distancias interespecíficas

La Figura 37 muestra el árbol de distancias construido bajo el método NJ, con nodos colapsados al 1% de divergencia genética. Los agrupamientos reflejan clusters definidos, algunos de los cuales presentan altos valores de soporte bootstrap (≥90%), lo que refuerza la solidez de dichas agrupaciones. No obstante, el grupo *Stenothoe* cf. *georgiana* presenta un patrón atípico, sus secuencias se distribuyen en clusters separados, a pesar de haber sido agrupadas bajo el mismo criterio de colapso, lo cual es coherente con los elevados niveles de distancias genéticas observados para este taxón.

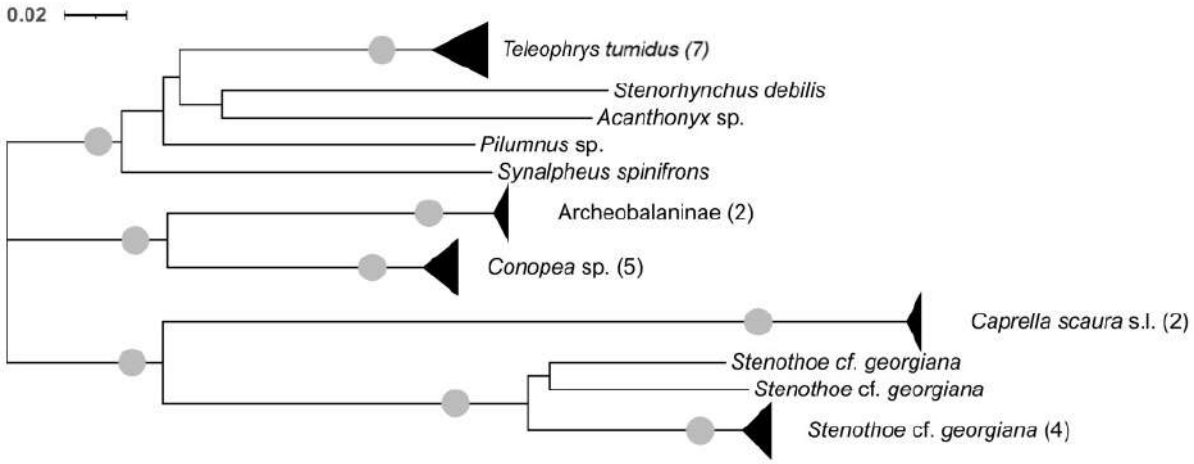


Figura 37. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) para los taxones identificados en este estudio. Los valores de soporte bootstrap (≥0.9) se indican con círculos grises calculados a partir de 1000 remuestreos. Los agrupamientos fueron colapsados usando un umbral de divergencia genética del 1%, lo que permite visualizar las clusters delimitadas bajo este criterio. Los triángulos negros representan clusters de secuencias colapsadas, y su tamaño es proporcional al número de secuencias incluidas. Los números entre paréntesis indican el número total de secuencias agrupadas dentro de cada cluster. El alineamiento final incluyó 616 pb del gen COI.

6.2.2. Comparación con las bases de datos de referencia

En el caso del género *Teleophrys*, las secuencias de *T. tumidus* obtenidas en este estudio fueron comparadas con los registros de las bases de datos BOLD y GenBank (Anexo N). Los resultados mostraron la menor distancia interespecífica de 11.83% con *T. cristulipes* Stimpson, 1860. A nivel intraespecífico, la distancia máxima observada de *T. tumidus* fue de (1.44%, n = 7) (Tabla 9). La Figura 38 muestra, en el árbol construido mediante el método NJ, a *T. tumidus* como un cluster definido, separado de sus congéneres por ramas largas y con un soporte alto en el nodo, lo cual refuerza su agrupamiento basado en las distancias genéticas.

Tabla 9. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P entre las secuencias de *T. tumidus* obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/NCBI. Media intra = distancia genética media intraespecífica; Máx. intra = distancia genética máxima intraespecífica; NN = "Nearest Neighbor"; distancia a NN = Distancia genética al NN. Los símbolos "–" indican valores no calculables, debido a que esos taxones estuvieron representados por una única secuencia

Taxón	Media intra	Máx. intra	NN	Distancia a NN
Teleoprhys cristulipes	8.99	16.51	*Teleoprhys tumidus*	11.83
Teleoprhys ornatus	–	–	*Teleoprhys tumidus*	12.55
Teleoprhys ruber	0.79	0.79	*Teleoprhys tumidus*	14.79
Teleoprhys tumidus (este estudio)	0.94	1.44	*Teleoprhys cristulipes*	11.83

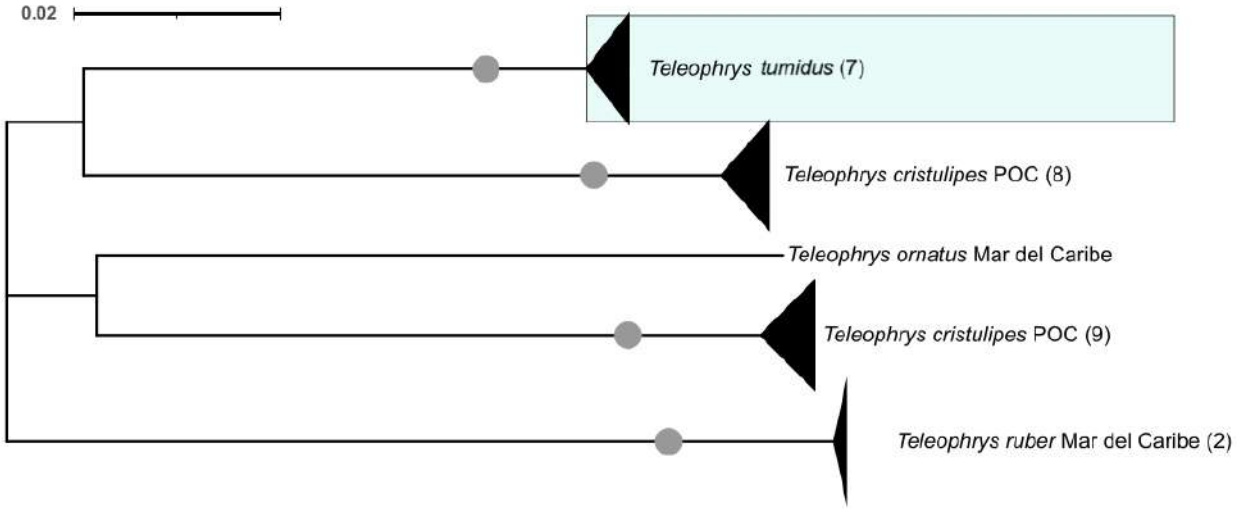


Figura 38. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de *T. tumidus* obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank. Los valores de soporte bootstrap (≥0.9) se indican con círculos grises calculados a partir de 1000 remuestreos. Los agrupamientos fueron colapsados usando un umbral de divergencia genética del 1%, lo que permite visualizar las clusters delimitadas bajo este criterio. Los triángulos negros representan clusters de secuencias colapsadas, y su tamaño es proporcional al número de secuencias incluidas. Los números entre paréntesis indican el número total de secuencias agrupadas dentro de cada cluster. Las secuencias delimitadas por el rectángulo celeste corresponden a las obtenidas en el presente estudio. POC = costa del Pacífico oriental de Centroamérica. El alineamiento final incluyó 636 pb del gen COI.

En el caso del grupo *Caprella scaura* s.l., las secuencias obtenidas en este estudio fueron comparadas con los registros disponibles en las bases de datos BOLD y GenBank (Anexo N). Las distancias genéticas intraespecíficas de *C. scaura* s.l. fue la menor (0.33%, n = 2), mientras que la mayor se observó en *C. californica*, con un valor de 18.85%, n = 21. Respecto a las comparaciones entre grupos, la distancia más baja fue

de 0.68% entre *C. californica* y *C. scauroides* Mayer, 1903, mientras que la distancia entre *C. scaura* s.l. y su vecino genético más cercano, *C. californica*, alcanzó un 12.27% (Tabla 10). Estos resultados se reflejan en la Figura 39, correspondiente al árbol de distancias construido mediante el método NJ. Donde las secuencias de *C. scaura* s.l. se agrupan en un cluster cercano al cluster de *C. californica* procedente de la región de Chile. A su vez, este grupo se muestra más cercano genéticamente al conjunto de secuencias de *C. californica* del norte de California e Isla Tricket. Finalmente, los clusters definidos como *C. scaura* Templeton, 1836 Clado I, Clado II y Mauricio forman en conjunto un cluster marcadamente separado del cluster *C. scaura* s.l.

Tabla 10. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P entre las secuencias de *C. scaura* s.l. obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank. Media intra = distancia genética media intraespecífica; Máx. intra = distancia genética máxima intraespecífica; NN = "Nearest Neighbor"; distancia a NN = Distancia genética al NN.

Taxón	**Media intra**	**Máx. intra**	**NN**	**Distancia a NN**
Caprella californica	11.34	18.85	*Caprella scauroides*	0.68
Caprella scaura	1.33	2.82	*Caprella scauroides*	23.54
Caprella scaura s.l. (este estudio)	0.33	0.33	*Caprella californica*	12.28
Caprella scauroides	5.25	16.27	*Caprella californica*	0.68

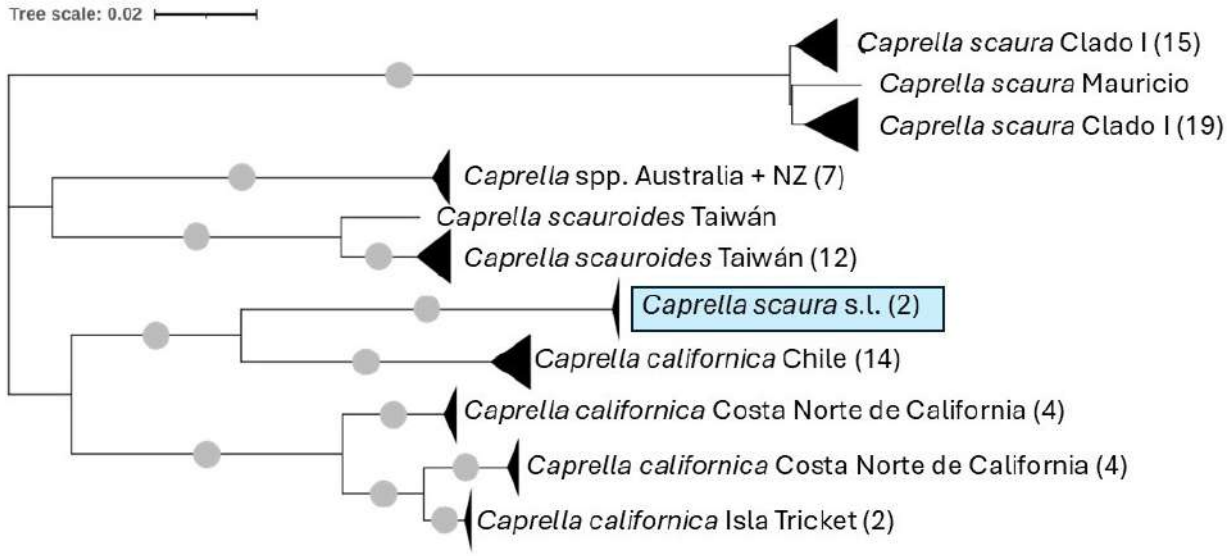


Figura 39. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de *C. sacura* s.l. obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank. Los valores de soporte bootstrap (≥0.9) se indican con círculos grises calculados a partir de 1000 remuestreos. Los agrupamientos fueron colapsados usando un umbral de divergencia genética del 1%, lo que permite visualizar las clusters delimitadas bajo este criterio. Los triángulos negros representan clusters de secuencias colapsadas, y su tamaño es proporcional al número de secuencias incluidas. Los números entre paréntesis indican el número total de secuencias agrupadas dentro de cada cluster. Las secuencias delimitadas por el rectángulo celeste corresponden a las obtenidas en el presente estudio. Clado I = Reino Unido, Francia, Italia, Grecia, Mauricio, Países Bajos y Estados Unidos. Clado II = Marruecos, Italia, Francia, España, Portugal, Australia, Estados Unidos, Países Bajos y Grecia. El alineamiento final incluyó 628 pb del gen COI.

En el caso de los cirrípedos, las secuencias obtenidas en este estudio fueron comparadas con los registros disponibles en las bases de datos BOLD y GenBank (Anexo N). Los resultados evidenciaron distancias genéticas intraespecífica de valores bajos para los dos taxones registrados: *Conopea* sp., con un valor máximo de 0.84% (n = 5), y la subfamilia Archaeobalaninae, con valores nulos de 0.00% (n = 2). Respecto a las comparaciones con secuencias de bases públicas, *Conopea* sp. presentó una distancia de 8.61% frente a *Conopea cf. galeata* de Galápagos. *C. saotomensis* fue el taxón más cercano a Archaeobalaninae, con una distancia de 13.61% (Tabla 11). La figura 40 muestra el árbol de distancias construído mediante el método de NJ para Cirripedia, donde ambos taxones de este estudio forman sus respectivos clusters con un alto soporte bootstrap (≥0.9). *Conopea* sp. se ubica dentro del cluster conformado por secuencias de *C. galeata* y *Conoea* cf. *galeata* provenientes de Galápagos, lo que concuerda con las distancias

genéticas calculadas.

Tabla 11. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P entre las secuencias de los cirrípedos obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank. Media intra = distancia genética media intraespecífica; Máx. intra = distancia genética máxima intraespecífica; NN = "Nearest Neighbor"; distancia a NN = Distancia genética al NN.

Taxón	**Media intra**	**Máx. intra**	**NN**	**Distancia a NN**
Archeobalaninae (este estudio)	0.00	0.00	*Conopea saotomensis*	13.75
Conopea sp. (este estudio)	0.62	0.85	*Conopea* cf. *galeata* Galápagos	8.61
Conopea sp. 1	1.55	1.55	*Conopea willhearsti*	2.77
Conopea sp. 2	0.91	1.20	*Conopea* cf. *galeata* Panamá	0.17
Conopea sp. 3	-	-	*Conopea* cf. *galeata* Panamá	0.17
Conopea cf. *galeata* Brasil	-	-	*Conopea* sp. 2	0.34
Conopea cf. *galeata* Galápagos	0.69	0.69	*Conopea* sp.	8.61
Conopea cf. *galeata* Panamá	0.81	0.87	*Conopea* sp. 2 y *Conopea* sp. 3	0.17
Conopea cf. *cymbiformis*	0.34	0.34	*Conopea basicuneata*	0.00
Conopea cymbiformis	0.00	0.00	*Conopea* cf. *cymbiformis* y *C. basicuneata*	0.34
Conopea fidelis	0.68	1.37	*Conopea saotomensis*	7.26
Conopea galeata	0.32	0.89	*Conopea* cf. *galeata* Galápagos	9.16
Conopea saotomensis	0.84	1.92	*Conopea fidelis*	7.26
Conopea calceola	0.69	0.69	*Conopea saotomensis*	8.20
Conopea basicuneata	0.63	1.72	*Conopea* cf. *cymbiformis*	0.00
Conopea exothobasis	0.69	0.69	*Conopea* cf. *cymbiformis* y *C. basicuneata*	8.07
Conopea margaretae	0.51	1.20	*Conopea minyrostrum*	3.32
Conopea minyrostrum	0.17	1.17	*Conopea margaretae*	3.32
Conopea sabangensis	0.97	1.72	*Conopea willhearsti*	11.67
Conopea willhearsti	0.42	0.87	*Conopea* sp. 1	2.78
Solidobalanus engbergi	0.68	0.68	*Conopea* sp.	14.20
Striatobalanus amaryllis	0.68	0.68	*Conopea willhearsti*	13.20
Chirona hameri	1.37	1.37	*Conopea* sp. 1	13.97

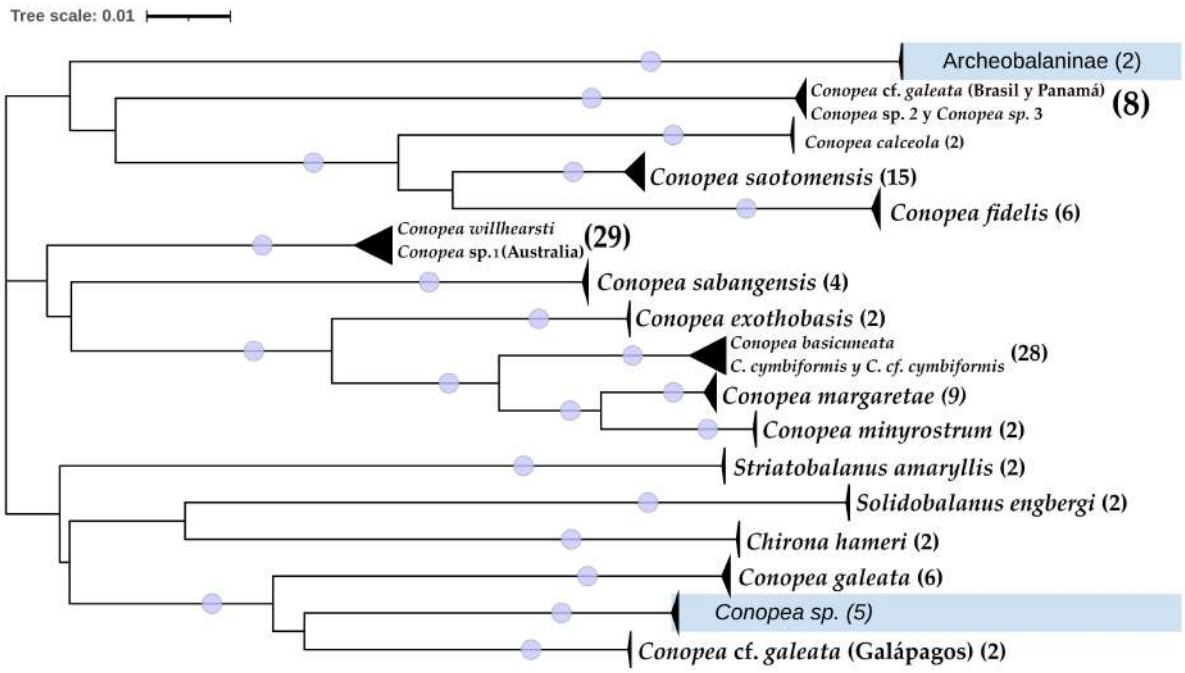


Figura 40. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de los cirrípedos obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank. Los valores de soporte bootstrap (≥0.9) se indican con círculos grises calculados a partir de 1000 remuestreos. Los agrupamientos fueron colapsados usando un umbral de divergencia genética del 1%, lo que permite visualizar las clusters delimitadas bajo este criterio. Los triángulos negros representan clusters de secuencias colapsadas, y su tamaño es proporcional al número de secuencias incluidas. Los números entre paréntesis indican el número total de secuencias agrupadas dentro de cada cluster. Las secuencias delimitadas por el rectángulo celeste corresponden a las obtenidas en el presente estudio. El alineamiento final incluyó 589 pb del gen COI.

Las secuencias agrupadas de *Stenothoe* cf. *georgiana* forman un cluster respaldado un por alto soporte bootstrap (≥0.9) que se observa en la figura 41. Sin embargo, a pesar de haber sido identificadas morfológicamente bajo un mismo morfotipo, este grupo presentó una alta divergencia intraespecífica (14.75%, n = 6) (Tabla 12) formando 3 clusters diferentes (Figura 41). Así mismo, se observa una clara separación respecto a otras especies del género.

Tabla 12. Distancias genéticas intraespecíficas e interespecíficas en% bajo el modelo K2P entre las secuencias de *Stenothoe* cf. *georgiana* obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/GenBank. Media intra = distancia genética media intraespecífica; Máx. intra = distancia genética máxima intraespecífica; NN = "Nearest Neighbor"; distancia a NN = Distancia genética al NN.

Taxón	Media intra	Máx. intra	NN	Distancia a NN
Stenothoe cf. *georgiana* (este estudio)	8.45	14.75	*Stenothoe frencada*	26.86
Stenothoe frencada	NaN	NaN	*Stenothoe marina*	19.56
Stenothoe marina	0.750	1.67	*Stenothoe frencad*a	19.56
Stenothoe minuta	0.00	0.00	*Stenothoe frencada*	31.68
Stenothoe monoculoides	12.06	22.57	*Stenothoe* cf. *georgiana*	34.79
Stenothoe valida	2.29	3.35	*Stenothoe frencada*	23.70

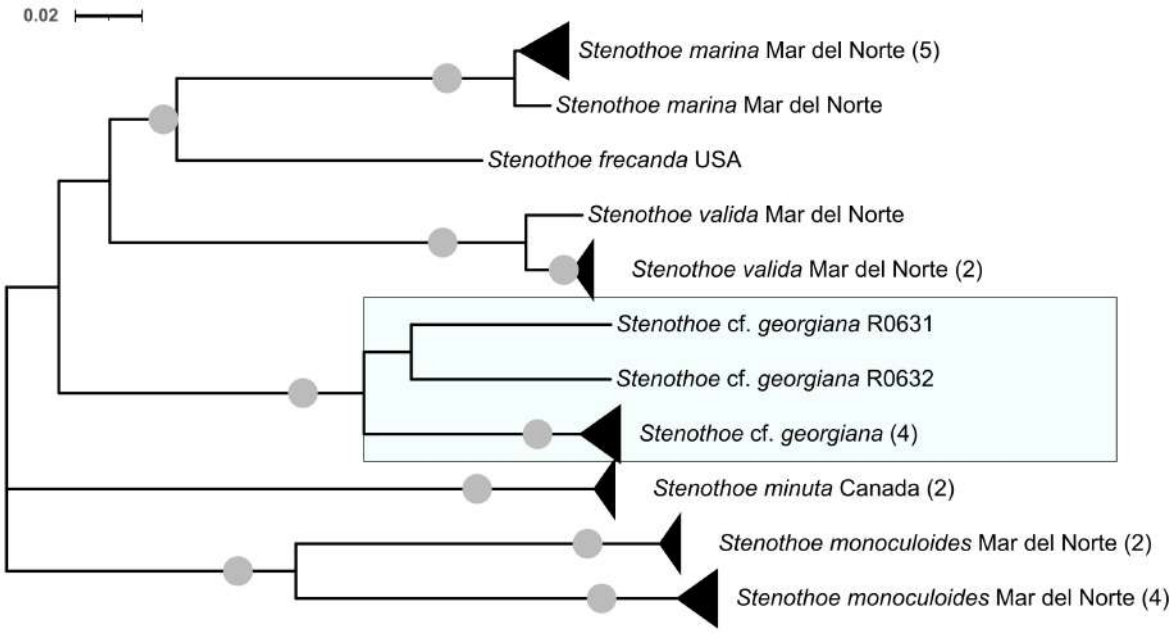


Figura 41. Árbol de distancias construido mediante el método NJ (modelo K2P) entre las secuencias de *Stenothoe* cf. *georgiana* obtenidas en este estudio y los registros de referencia en BOLD/NCBI. Los valores de soporte bootstrap (≥0.9) se indican con círculos grises calculados a partir de 1000 remuestreos. Los agrupamientos fueron colapsados usando un umbral de divergencia genética del 1%, lo que permite visualizar las clusters delimitadas bajo este criterio. Los triángulos negros representan clusters de secuencias colapsadas, y su tamaño es proporcional al número de secuencias incluidas. Los números entre paréntesis indican el número total de secuencias agrupadas dentro de cada cluster. Las secuencias delimitadas por el rectángulo celeste corresponden a las obtenidas en el presente estudio. El alineamiento final incluyó 615 pb del gen COI.

6.3. Delimitación de especies

La delimitación de MOTUs fue coherente con los taxones previamente identificados por morfología, con excepción de *Stenothoe* cf. *georgiana*, cuyas secuencias fueron separadas en tres clados distintos. Esta estructura fue consistente en los tres modelos (GMYC, PTP y bPTP) y confirmada por el análisis de consenso. El resto de los grupos mantuvo una correspondencia entre las MOTUs delimitados y los taxones reconocidos (Figura 42).

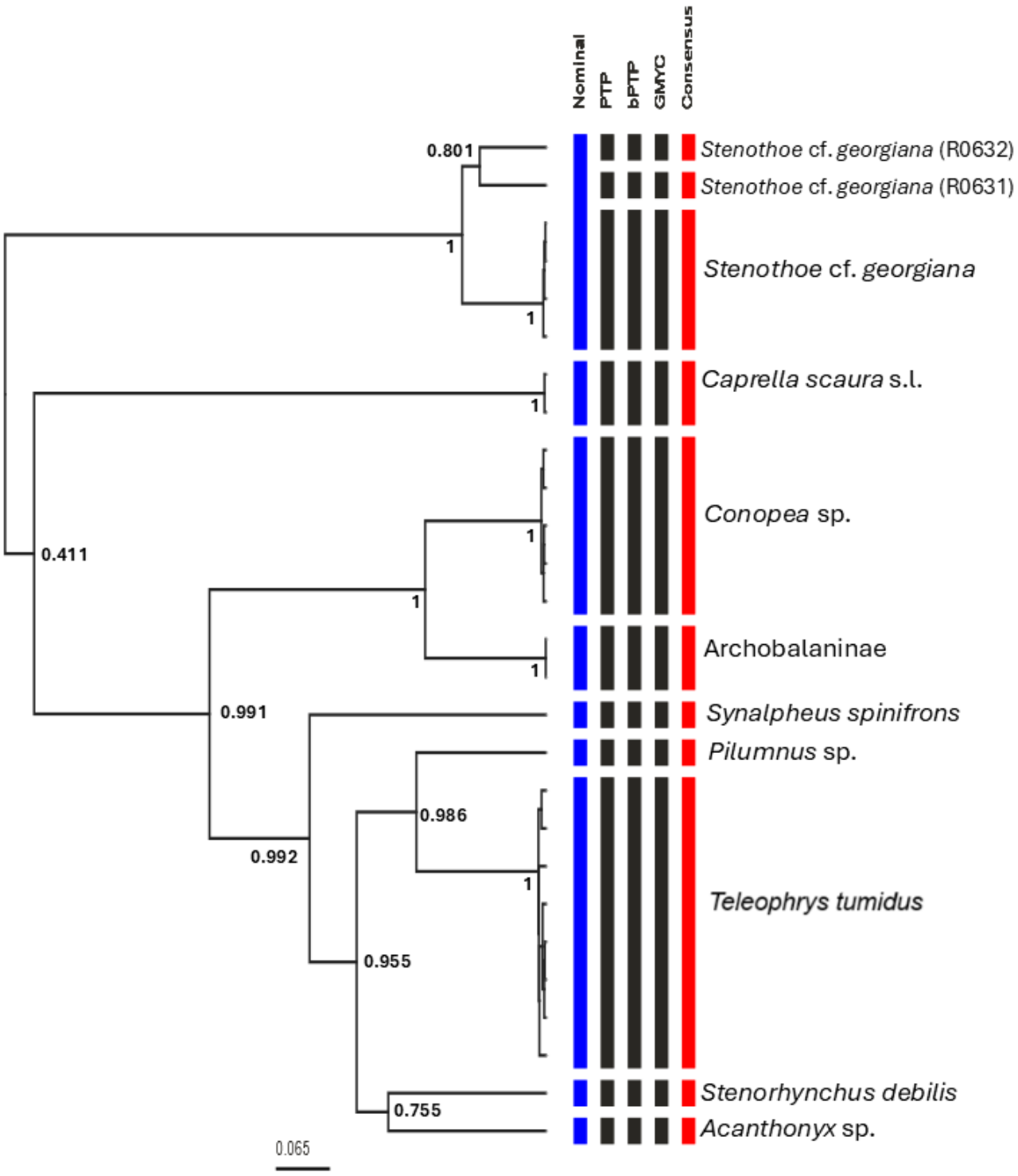


Figura 42. Árbol filogenético inferido mediante inferencia bayesiana que muestra las MOTUs obtenidas a partir de secuencias del marcador COI de crustáceos asociados a corales gorgónidos de la Isla Foca (n = 27 secuencias). El análisis se basó en un alineamiento final de 616 pb y empleó el modelo de sustitución nucleotídica GTR+I+G. La delimitación de MOTUs se realizó mediante los métodos GMYC, PTP y bPTP.

6.3.1. Comparación con las bases de datos de referencia

Las secuencias pertenecientes a la especie *Teleophrys tumidus* de Isla Foca fueron agrupadas en una sola MOTU. Este clado presentó una probabilidad posterior igual a 1 (Figura 43). En el caso de los cirrípedos, las secuencias de *Conopea* sp. de Isla Foca se agruparon en una sola MOTU. Este clado presentó una probabilidad posterior igual a 1 y se integró en un clado de mayor nivel junto con *C. galeata* del sureste de Estados Unidos y *Conopea* cf. *galeata* de Galápagos. Asimismo, las secuencias del taxón Archeobalaninae provenientes de Isla Foca se agruparon en una sola MOTU, la cual presentó una probabilidad posterior igual a 1 (Figura 44).

Las secuencias de *Caprella scaura* s.l. provenientes de Isla Foca fueron agrupadas en una sola MOTU con una probabilidad posterior igual a 1. Este clado se agrupo dentro de un clado de mayor nivel que incluye a *C. californica* de Chile, del cual se mantiene claramente separado en todos los análisis (Figura 45).

Las secuencias correspondientes a *Stenothoe* cf. *georgiana* de Isla Foca no fueron agrupadas en una única MOTU por ninguno de los modelos de delimitación. Las secuencias R0631 y R0632 fueron delimitadas como dos MOTUs independientes, lo que sugiere la presencia de linajes genéticos distintos dentro de este taxón (Figura 46).

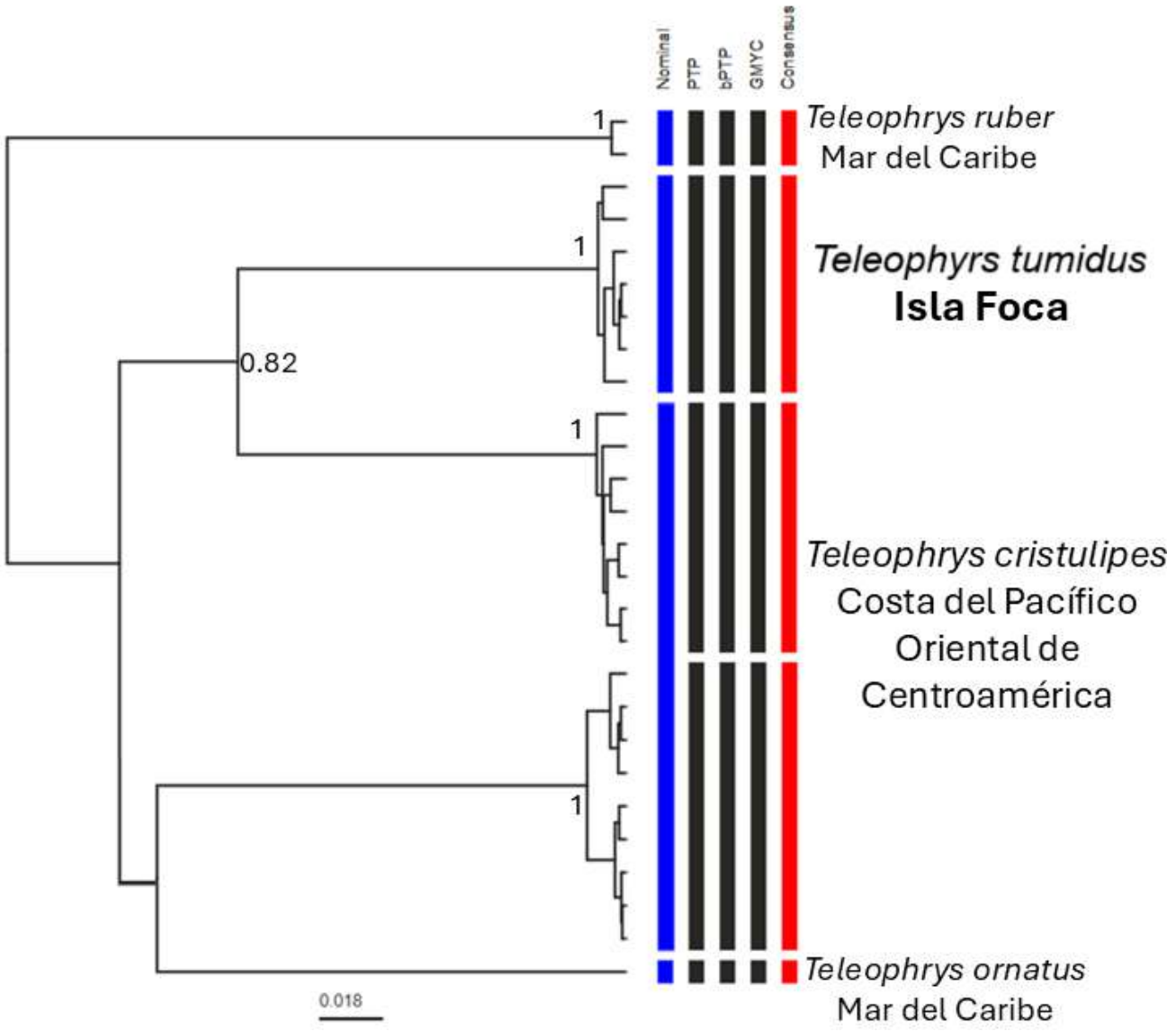


Figura 43. Árbol filogenético inferido mediante inferencia bayesiana que muestra las MOTUs obtenidas a partir de secuencias del marcador COI de *Teleophrys tumidus* provenientes de Isla Foca, junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y NCBI (n = 27 secuencias). El análisis se basó en un alineamiento final de 636 pb y empleó el modelo de sustitución nucleotídica HKY+I+G. La delimitación de MOTUs se realizó mediante los métodos GMYC, PTP y bPTP.

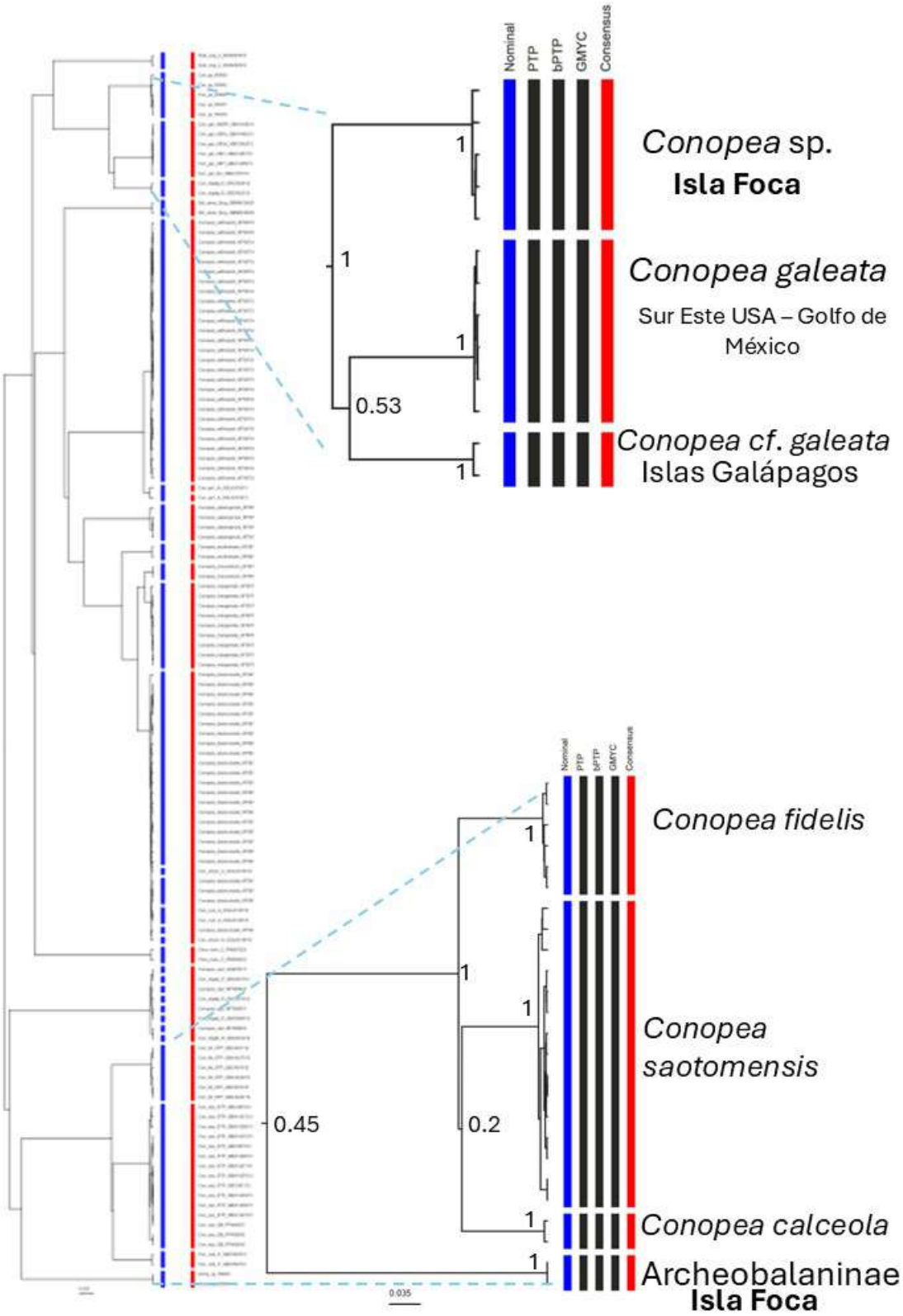


Figura 44. Árbol filogenético inferido mediante inferencia bayesiana que muestra las MOTUs obtenidas a partir de secuencias del marcador COI de los cirrípedos provenientes de Isla Foca, junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y GenBank (n = 126 secuencias). El análisis se basó en un alineamiento final de 589 pb y empleó el modelo de sustitución nucleotídica HKY+I+G. La delimitación de MOTUs se realizó mediante los métodos GMYC, PTP y bPTP.

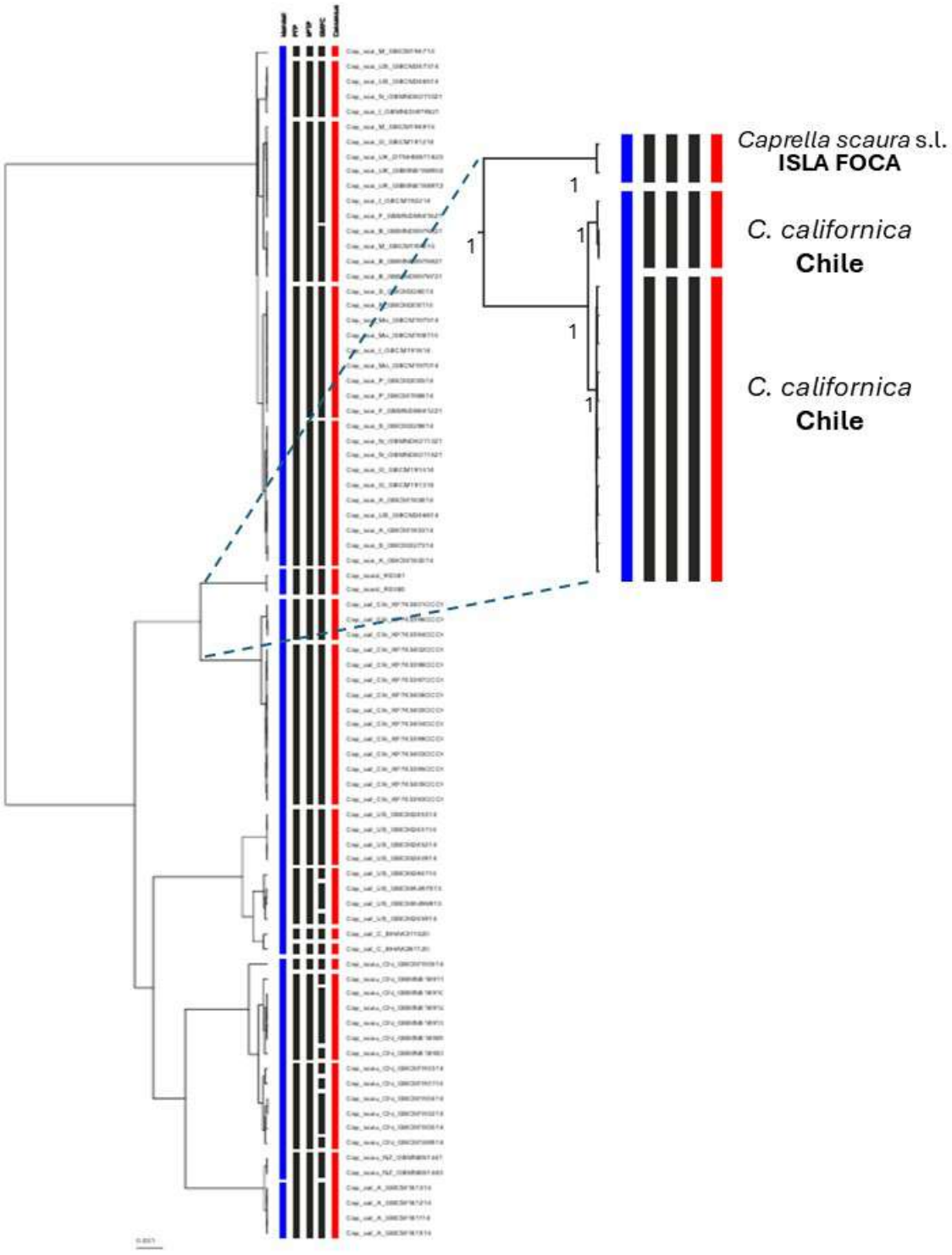


Figura 45. Árbol filogenético inferido mediante inferencia bayesiana que muestra las MOTUs obtenidas a partir de secuencias del marcador COI de *Caprella scaura* s.l. provenientes de Isla Foca, junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y NCBI (n = 73 secuencias). El análisis se basó en un alineamiento final de 622 pb y empleó el modelo de sustitución nucleotídica HKY+I+G. La delimitación de MOTUs se realizó mediante los métodos GMYC, PTP y bPTP.

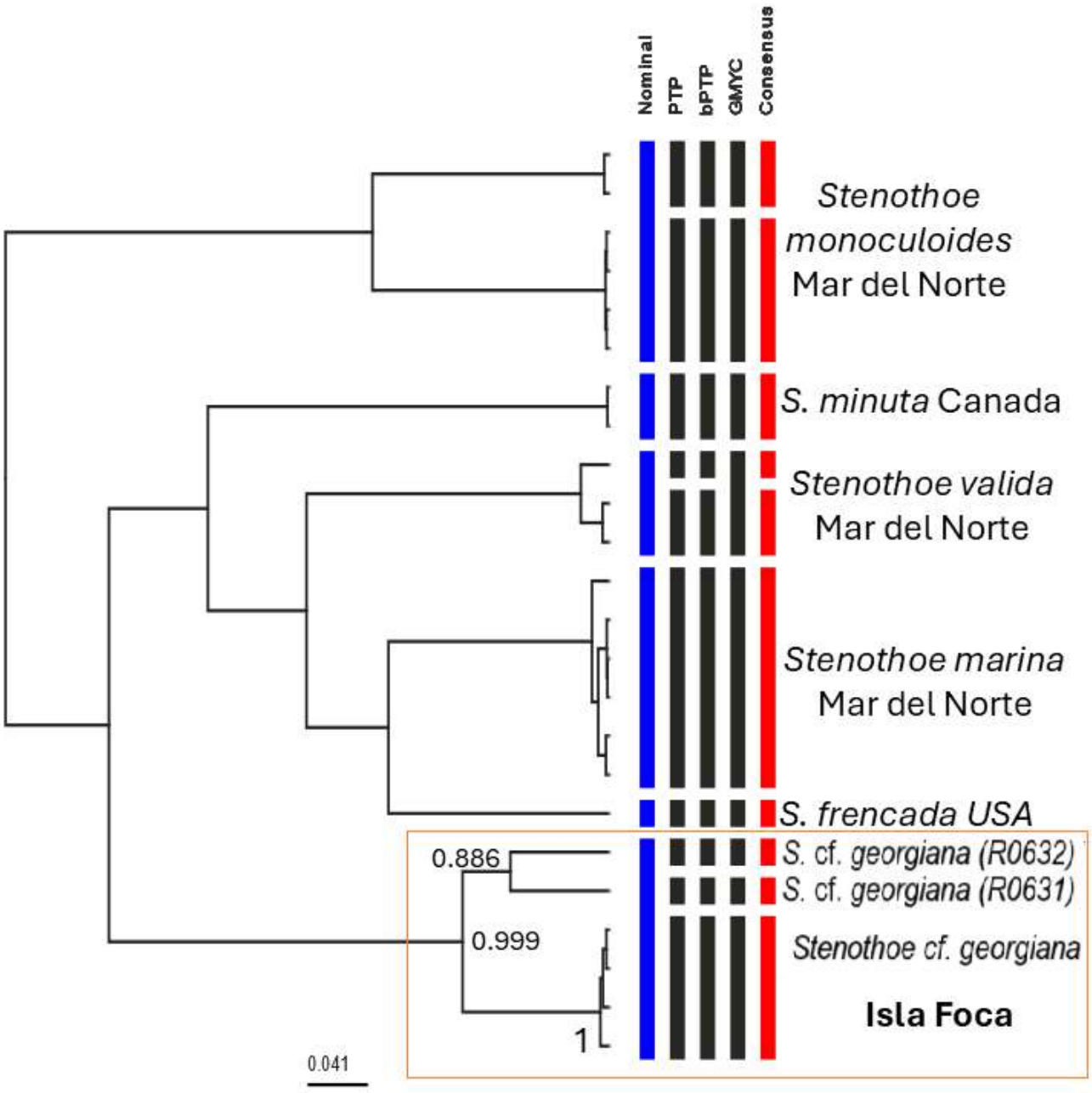


Figura 46. Árbol filogenético inferido mediante inferencia bayesiana que muestra las MOTUs obtenidas a partir de secuencias del marcador COI de *Stenothoe* cf. *georgiana* provenientes de Isla Foca, junto con secuencias de referencia obtenidas de las bases de datos BOLD y NCBI (n = 24 secuencias). El análisis se basó en un alineamiento final de 615 pb y empleó el modelo de sustitución nucleotídica HKY+I+G. La delimitación de MOTUs se realizó mediante los métodos GMYC, PTP y bPTP.

7. Discusión

7.1. Cirrípedos

7.1.1. Código de barras y delimitación molecular

En los cirrípedos del género *Conopea*, las distancias genéticas del gen COI han demostrado ser una herramienta robusta para la delimitación de especies. Carrison-Stone et al. (2013) reportaron que las distancias genéticas no corregidas entre cuatro especies del Atlántico oscilaron entre 8.8% y 16.6%. Por otro lado, Van Syoc et al. (2014) registraron, para seis especies del Pacífico Occidental, distancias intraespecíficas corregidas entre 0% y 1.74%, e interespecíficas entre 3.18% y 11.73%. Además, ambos estudios demostraron que las especies de *Conopea* forman clados soportados en análisis de inferencia bayesiana. En este contexto, la distancia intraespecífica máxima de *Conopea* sp. de Isla Foca, así como la divergencia genética con su vecino más cercano, se encuentran dentro del rango reportado para especies válidas del género *Conopea*.

Así mismo, los ejemplares de Isla Foca, *Conopea* cf. *galeata* (Galápagos) y *C.galeata* se delimitan como MOTUs distintas y forman clados propios, pero a su vez se agrupan en clado mas amplio (Figura 44). Lo que resulta en linajes diferenciados pero estrechamente relacionados. Sin embargo, las secuencias de *C. galeata* provienen únicamente del Atlántico (Carolina del Norte y Golfo de México). Aun cuando su distribución abarca el Atlántico Occidental (Carolina del Norte, Caribe, Golfo de México y Venezuela) y el Pacífico Oriental (desde el sur de California hasta Panamá y las islas Galápagos) (Newman & Ross 1976).

En este contexto la distribución transoceánica en cirrípedos se atribuye al transpor-

te pasivo asociado al *biofouling*, como en el caso de *Chthamalus proteus* (Zabin et al. 2007). No obstante, esta hipótesis resulta poco probable para *Conopea*, dado que estas especies mantienen asociaciones obligadas con gorgonias, organismos que no se asocian al *biofouling*. En consecuencia, la divergencia genética observada entre los taxones del Atlántico y del Pacífico podría estar asociada a barreras biogeográficas, como el surgimiento del Istmo de Panamá, reconocido por ser una barrera efectiva para el flujo génico entre faunas del Caribe/Atlántico y del Pacífico oriental (Lessios 2008). Esto permite plantear la hipótesis de que las poblaciones de *C. galeata* del Atlántico y del Pacífico podrían representar linajes evolutivos distintos, lo que a su vez explicaría su divergencia genética respecto a nuestros individuos y a los provenientes de Islas Galápagos.

Bajo este enfoque, a escala regional del Pacífico Oriental Tropical, el área donde se encuentra Isla Foca ha sido reconocida como parte de la zona de transición panámica-peruana para cirrípedos (Laguna 1990). Este tipo de zonas puede actuar como reservorios de diversidad genética y focos de diferenciación evolutiva y endemismo (Golla et al. 2020). Por otro lado, las Islas Galápagos han sido consideradas una subprovincia de la provincia panameña (cálida), donde aproximadamente el 30% de las especies de cirrípedos son endémicas (Laguna 1990). En este marco, las diferencias oceanográficas —una zona transicional costera con cambios marcados en las condiciones oceanográficas y un archipiélago cuya biota está influenciada principalmente por corrientes tropicales (Laguna 1990)— podrían limitar el intercambio larval y favorecer la diferenciación. Esto ayudaría a explicar la divergencia genética observada entre los linajes de Isla Foca y Galápagos.

Este patrón es coherente con lo documentado en *Conopea fidelis* y *C. saotomensis*, que son endémicas de islas aisladas, sugiriendo que el aislamiento geográfico juega un

papel clave en la diversificación del género *Conopea* (Carrison-Stone et al. 2013). Así, las diferencias entre *Conopea* sp. (Isla Foca) y *Conopea* cf. *galeata* (Galápagos) podrían explicarse por procesos similares de aislamiento.

Respecto a la morfología. Si bien es cierto, el scutum y el tergum —caracteres diagnósticos para las especies de este genero (Kolbasov et al. 2016)— son similares con *C. galeata*, la cavidad del músculo lateral depresor es menos expandida pero mas profunda y a nivel de apéndices, *Conopea* sp. muestra una diversidad de estructuras en el ciro III ("simple spinule", "multifid scale", "multifid spinules") que no han sido reportada en la descripción de *C. galeata* (Newman & Ross 1976).

7.1.2. Relación de asociación a su hospedero

El género *Conopea* sp. mantienen una relación de comensalismo obligado con las gorgonias (Kolbasov et al. 2016). Standing et al. (1984) demostraron que estas producen compuestos químicos capaces de inducir o inhibir el asentamiento larval de los cirrípedos, reportando que *Leptogorgia virgulata* (Lamarck, 1815) produce sustancias inhibidoras para el cirrípedo *Amphibalanus amphitrite amphitrite* (Darwin 1854), aunque esta misma gorgonia ha sido registrada como hospedero de *C. galeata* (Patton 1972), lo que evidencia que la respuesta larval puede ser específica para distintos cirrípedos (Standing et al. 1984).

En este contexto, la asociación de *Conopea* sp. con el género *Psammogorgia* y su ausencia en *Leptogorgia* —ambos géneros de la misma familia— en Isla Foca, sugiere que la selección del hospedero no es aleatoria, sino que podría estar mediada por mecanismos químicos y ecológicos de cada gorgonia (Standing et al. 1984). Sin embargo,

este patrón no es consistente con lo descrito por Van Syoc et al. (2014), quienes indican que las especies de *Conopea* presentan especificidad de hospedero a nivel de familia, mientras que a nivel de especie y género puede ser variable, en parte por la limitada resolución taxonómica de las gorgonias. Por lo que sugieren que la asociación es flexible y que linajes genéticamente diferenciados podrían estar asociados a diferentes grupos de gorgonias.

No obstante, un análisis filogenético realizado por Poliseno et al. (2017) con el uso de mitogenomas completos y mtMutS posicionó al género *Psammogorgia* en un clado que dista de las especies de *Leptogorgia* y otros géneros de la familia Gorgoniidae. Este resultado respalda la asociación de *Conopea* sp. con *Psammogorgia* en Isla Foca y no con *Leptogorgia*. Hasta la fecha, no se ha reportado ninguna especie de *Conopea* asociada al género *Psammogorgia* (Van Syoc et al. 2014, Carrison-Stone et al. 2013, Kolbasov et al. 2016, Horvath 2019). En este contexto, *Conopea* sp. de Isla Foca representa el primer registro documentado de este género en Perú.

7.2. Anfípodos

7.2.1. Código de barras y delimitación molecular

Las secuencias genéticas de *Stenothoe* cf. *georgiana* evidencian una divergencia mitocondrial alta, con una distancia intraespecífica máxima de 14.12%, agrupadas en 3 MOTUs. Estos valores exceden ampliamente los rangos típicos de divergencia intraespecífica reportados para anfípodos, que en la mayoría de casos se sitúan por debajo del 2–3% (Raupach et al. 2015, Mohrbeck et al. 2021). Incluso en grupos donde se han registrado divergencias intraespecíficas más elevadas, como en Phoxocephalidae, los valores suelen mantenerse por debajo del 6% (Knox et al. 2012). En contraste, *Stenothoe* cf. *georgiana* se ubican en un rango asociado con diversidad críptica o complejos

de anfípodos, donde especies morfológicamente indistinguibles presentan divergencias superiores a 9–14% (Costa et al. 2009, Mohrbeck et al. 2021).

Estas especies donde la divergencia genética es alta, se asocia con aislamiento geográfico o diferenciación regional (Costa et al. 2009). Sin embargo, este patrón contrasta con los individuos de *Stenothoe* cf. *georgiana* que provienen de una sola localidad y de un mismo hospedero (*Psammogorgia* cf. *arbuscula*). Este tipo de coexistencia local para linajes mitocondriales divergentes coincide con *Paralicella caperesca* Shulenberger y Barnard, 1976, en la cual se han identificado al menos cuatro linajes mitocondriales diferenciados, pero morfológicamente indistinguibles, que ocurren en proximidad geográfica o incluso en el mismo sitio de muestreo (Mohrbeck et al. 2021). Pero un patrón inverso se registra en el anfípodo de agua dulce *Homoeogammarus scutarensis* (Schäferna, 1923), endémico de la cuenca del lago Skadar (Jabłońska et al. 2020). Los autores reportaron introgresión mitocondrial hacia *H. thoni* (Schäferna, 1922). Este fenómeno fue evidenciado por la discordancia en la asignación de BINs, la separación correspondiente en cluster por el marcador nuclear 28S para ambas especies, por una diferenciación morfológica y con divergencia genética evolutiva antigua (Jabłońska et al. 2020).

Si bien es cierto el gen COI es una herramienta útil para la delimitación de especies en anfípodos (Raupach et al. 2015). Los casos mencionados evidencian que la divergencia mitocondrial no siempre está vinculada a barreras geográficas y que la discordancia entre morfología y el marcador COI puede manifestarse como en la forma de linajes genéticamente divergentes sin diferenciación morfológica, o como en especies morfológicamente distintas que comparten linajes mitocondriales.

En este contexto, varias especies del género *Stenothoe* han sido registradas en aso-

ciación con el *biofouling*, lo que facilita su dispersión pasiva y ha llevado a que algunas sean consideradas “cosmopolitas” (Krapp-schickel 2006). Sin embargo, una revisión taxonómica ha demostrado que algunas de estas corresponden en realidad a diferentes especies, como en el caso del complejo *S. gallensis* Walker, 1904, mientras que otras, como *S. valida* Dana, 1853, podrían representar especies morfológicamente similares con distribuciones geográficas diferenciadas (Krapp-Schickel 2015). A pesar de ello, el transporte por el *biofouling* no pierde la capacidad de mezclar especies de distintas localidades, favoreciendo su coexistencia en un mismo sitio y complicando su identificación taxonómica (Pérez-Schultheiss & Ibarra 2017). En concordancia con lo anterior, *S. georgiana* ha sido registrada en asociación al biofouling (Lecroy 2011). Esto es consistente con su presencia en el Mar Mediterráneo y Chile y su catalogación como especie exótica (Pérez-Schultheiss & Ibarra 2017).

Por consiguiente, la dispersión podría contribuir a la coexistencia local de linajes divergentes y posterior hibridación entre especies estrechamente relacionadas en Isla Foca. Sin embargo, con los datos disponibles no es posible distinguir si esta divergencia se deba a diferenciación histórica, dispersión reciente o a un complejo de especies crípticas. En consecuencia, sería necesario ampliar el muestreo y complementar COI con otros marcadores, además de una revisión morfológica incluyendo comparaciones con material de localidades tipo.

En consecuencia, a partir de cinco especies de *Stenothoe* registradas en la base de datos (todas provenientes de una misma región) se identificaron siete MOTUs, lo que revela la presencia de divergencia genética no detectable por morfología, lo que es consistente con lo observado en los ejemplares de Isla Foca. Estos resultados aportan información relevante, debido a la ausencia de estudios filogenéticos moleculares y de-

limitación molecular en la familia stenothoidae, por lo que los datos obtenidos en este trabajo permiten ampliar el conocimiento sobre la diversidad genética de este grupo.

En este contexto, la comparación morfológica evidencia diferencias cualitativas entre los ejemplares de Isla Foca y descripciones previas a *S. georgiana*. En los machos de Isla Foca, la palma del gnatópodo 2 es marcadamente cóncava (frente a una concavidad leve en material de Chile y una palma recta en la descripción original de Bynum y Fox (1977)), y el ángulo palmar aparece expandido y lobulado, aunque con menor expansión que en el ejemplar de Chile (Figura 47). Estos rasgos del gnatópodo, en particular la forma de la palma y del ángulo palmar, han sido señalados como caracteres diagnósticos para diferenciar especies en el género (Krapp-schickel 2006). Adicionalmente, en los pereópodos 6–7 se observa un patrón distinto en el margen posterior de la basis (Figura 48), y en hembras se aprecia variación en la forma del propodus del gnatópodo 1. En conjunto, estas diferencias podrían ser consistentes con una variante local o con una entidad taxonómica distinta, por lo que su resolución requerirá comparar directamente con material de referencia de otras localidades.

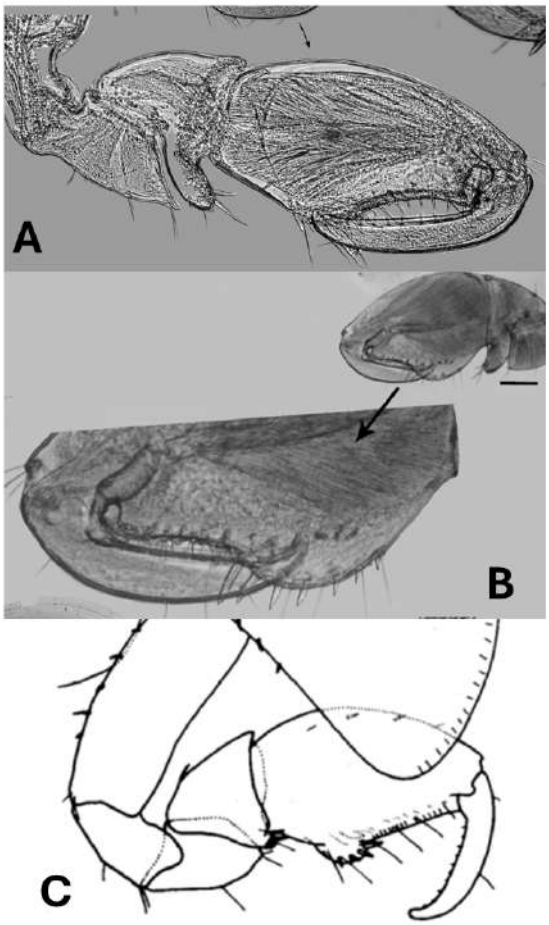


Figura 47. Gnatópodo 2**A**. *Stenothoe* cf. *georgiana* (Isla Foca) **B**. *Stenothoe georgiana* (Chile) **B**. *Stenothoe georgiana* (Norte de Carolina). Figura B tomado de Pérez-Schultheiss y Ibarra (2017). Figura C tomado de Bynum y Fox (1977).

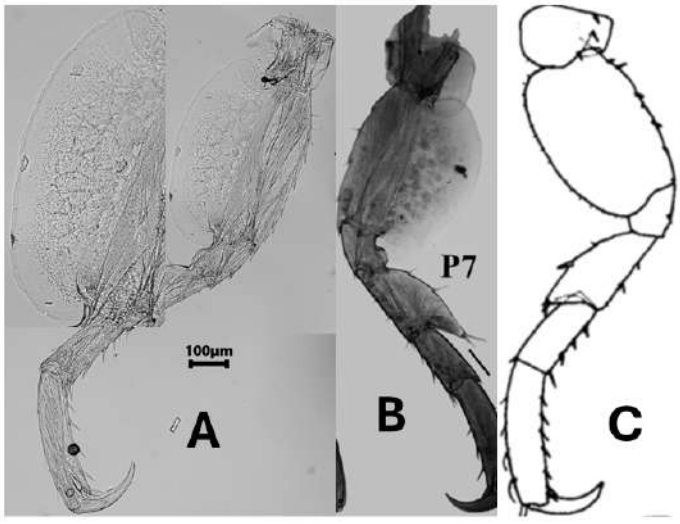


Figura 48. Pereópodo 7 **A**. *Stenothoe* cf. *georgiana* (Isla Foca) **B**. *Stenothoe georgiana* (Chile) **B**. *Stenothoe georgiana* (Norte de Carolina).Figura B tomado de Pérez-Schultheiss y Ibarra (2017). Figura C tomado de Bynum y Fox (1977)

Respecto a *Caprella scaura* s.l., es un ejemplo de taxonomía complicada porque presenta alta variación morfológica que puede cambiar con el estadio y tamaño, lo que puede llevar a asignaciones equivocadas si se usa solo morfología (Krapp et al. 2006). En este sentido, las dos secuencias identificadas en este estudio se agrupan en una sola MOTU y se ubican en un clado junto con las secuencias de referencia de Chile.

Estas secuencias de referencia de Coquimbo —históricamente reportadas dentro de *C. scaura* s.l., correspondiente a la forma endémica *C. scaura* f. *spinirostris*— señalan que algunos rasgos diagnósticos pueden atenuarse en individuos hiperadultos (la proyección ventral es evidente en machos pequeños, pero casi indistinguible en hiperadultos) (Cabezas et al. 2014). Asimismo, los autores reportan una marcada divergencia mitocondrial entre el linaje chileno (asociado a la forma spinirostris) y *C. californica* s.s de California, por lo que proponen que probablemente representan especies distintas.

Por lo tanto, las MOTUs basadas en COI proporcionan un marco útil para reconocer linajes dentro del complejo *C. scaura* s.l., especialmente cuando la variación ontogénica dificulta la interpretación morfológica. En este estudio, las secuencias de Isla Foca se agruparon con el linaje chileno asociado a *C. scaura* f. *spinirostris*. Sin embargo, confirmar el estatus taxonómico de este linaje requiere mayor muestreo, realizar una comparación morfológica detallada y emplear marcadores nucleares más variables que 18S rRNA, debido a que este gen no permitió diferenciar al linaje chileno de *C. californica* s.s. (Cabezas et al. 2014).

7.2.2. Relación de asociación a su hospedero

La fauna de crustáceos asociados a las gorgonias de Isla Foca estuvo dominada por los anfípodos. Este patrón ha sido documentado en distintas regiones del mundo que

incluye el POT (Soler et al. 2018), el Mar Mediterráneo (Ponti et al. 2016), el Océano Atlántico Oriental (Carvalho et al. 2013) y en zonas profundas del Océano Atlántico Occidental (Buhl-Mortensen & Mortensen 2004), así como en asociaciones con otros sustratos vivos (Arfianti et al. 2018).

La estructura tridimensional de las gorgonias constituye un factor clave para explicar este patrón. Kupfner y Jhonson (2020) señalan que las gorgonias con forma de "branched" y "bushy" —formas que presentan las gorgonias de este estudio— genera microhábitats que son atractivos para varias especies, en su mayoría para pequeños invertebrados (Carvalho et al. 2013). Además de la complejidad de las gorgonias, la flexibilidad ecológica de los anfípodos les permite colonizar una amplia variedad de hábitats, lo que contribuye a su elevada abundancia en distintos ecosistemas marinos (Arfianti et al. 2018).

En este contexto, la mayoría de asociaciones entre anfípodos y gorgonias se describe como facultativa. Buhl-Mortensen y Mortensen (2004) indican que los anfípodos utilizan a las gorgonias probablemente como refugio frente a depredadores y como sustrato para la captura de partículas en suspensión. La baja selectividad por el sustrato observada en los anfípodos registrados en este estudio, junto con su amplia distribución geográfica (Ver el ítem "Hábitat" y "distribución" en la sección de Resultados, ítem 6.1.2, correspondiente a los anfípodos), refuerza la idea de que su elevada abundancia en las gorgonias de los géneros *Psammogorgia* y *Leptogorgia* de Isla Foca está asociada principalmente a su complejidad estructural.

7.3. Decápoda

7.3.1. Código de barras y delimitación molecular

Las secuencias de *Teleophrys tumidus* mostraron mayor similitud con *Microphrys weddelli* en la base de datos BOLD. Esto resulta inesperado, ya que se trata de especies de géneros diferentes dentro de la misma familia, y a nivel morfológico, son claramente distintos (Garth 1958). Además, la secuencias de *M. weddelli* en BOLD proviene de Paracas, localidad que se encuentra dentro de la distribución de *T. tumidus* que se extiende desde las Islas Galápagos, al norte de Perú, hasta la Bahía Independencia (Garth 1958).

Por otro lado, las especies dentro de la familia Mithracidae (incluyendo los géneros *Amphithrax, Mithraculus, Mithrax* y *Omalacantha*) se agrupan en diferentes BINs (Venera-Pontón et al. 2020). Por lo que las secuencias de estas especies mínimamente tienen una divergencia genética por encima de un 2.2% entre ellas, ya que el algoritmo agrupa secuencias con una divergencia menor a este umbral en un mismo BIN (Ratnasingham & Hebert 2013). Sin embargo, nuestras secuencias de *T. tumidus* y las de *M. weddelli* muestran una divergencia menor al 2%.

Aunque existen complejos de especies en géneros dentro de la familia Mithracidae (complejo *Mithrax–Mithraculus*) en los cuales las especies de ambos géneros se superponen genéticamente (Baeza et al. 2010). Esto no se documenta en los género *Teleophrys* y *Microphrys*. Por lo tanto, probablemente la especie identificada como *M. weddelli* en la base de datos BOLD en realidad sea *T. tumidus*.

Respecto a la morfología, *T. tumidus* presentó 2 diferencias notorias en comparación con lo descrito en la bibliografía. Primero, en la quela de los machos, los ejemplares

de Isla Foca muestran una dentición continua a lo largo de toda la zona prensil (7 a 8 dientes). Esta dentición no se observa en la ilustración de Rathbun (1925), que muestra un solo diente en el medio del dáctilo y dos dientes en el propodio. En la colección de IMARPE, se observa un patrón similar al de Rathbun, pero con la diferencia de tener de 7 a 8 dientes en la zona distal prensil. La descripción original de *T. tumidus* (Cano 1889) no presenta una figura detallada de la quela, pero menciona la dentición observada como en la muestra de IMARPE.

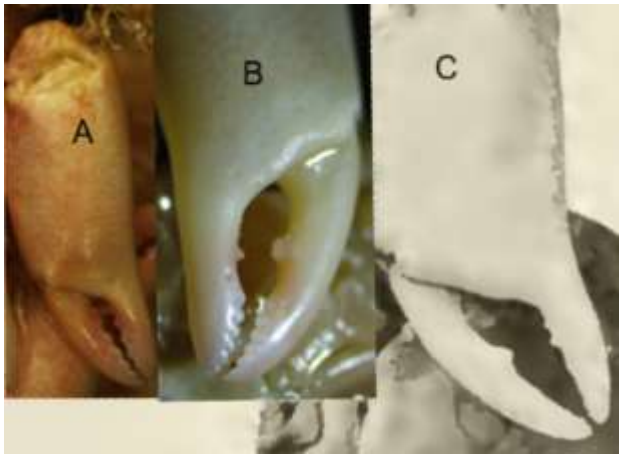


Figura 49. Comparación de quelas de machos de *Teleophrys tumidus*. **A**. Quela izquierda (Isla Foca) - R0382. **B**. Quela izquierda (Colección de Imarpe). **C**. Quela izquierda. Tomado de Rathbun (1925) - Lámina 159.

En cuanto al pleópodo 1 de los machos —rasgo diagnóstico para la diferenciación de especies (Garth 1958)—, los ejemplares de Isla Foca presentan una escotadura y un margen convexo entre el lóbulo subterminal y el ápice. Esta característica no se observa en las muestras de IMARPE ni en las de Garth, donde el margen entre el lóbulo y el ápice es lineal.

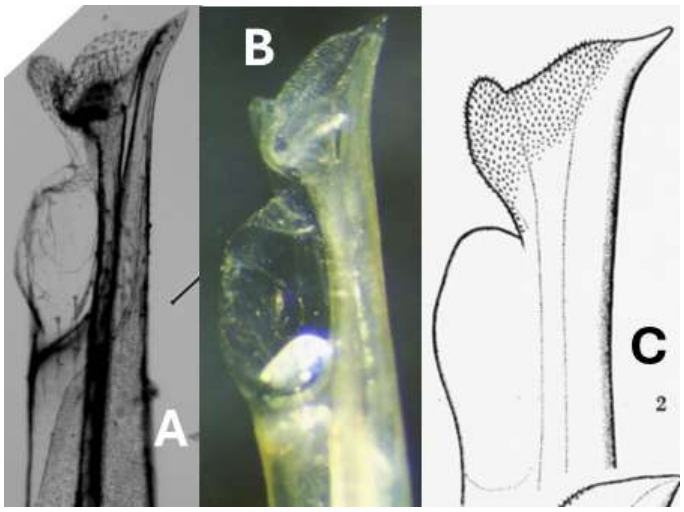


Figura 50. Comparación de Pleópodo 1 de machos de *Teleophrys tumidus*. **A**. Pleópodo 1 (Isla Foca) - R0382. **B**. Pleópodo 1 (Colección de Imarpe). **C**. Pleópodo 1. Tomado de Garth (1958) - Lámina W.

Estas variaciones se relacionan con el ancho del cefalotórax, ya que los machos de Isla Foca miden en promedio 8 mm, mientras que el ejemplar de la colección de IMARPE alcanzan 15 mm; valores similares a los reportados por Garth (1958) y Cano (1889) (15.1 mm y 14 mm), aunque menores que los descritos por Rathbun (19 mm). Este patrón sugiere que la variabilidad morfológica en los machos de *T. tumidus* puede explicarse por el desarrollo ontogénico, como se ha descrito en otros cangrejos Brachyura (Martin et al. 1984), lo que resalta una de las ventajas del código de barras de ADN, el cual no está limitado por los estadios de desarrollo de los organismos.

8. Conclusiones

1. El COI confirma que *Conopea* sp. representa un linaje diferenciado dentro del género, coherente con los umbrales usados para delimitar especies en *Conopea*.

2. La asociación exclusiva de *Conopea* sp. con *Psammogorgia* amplía el conocimiento sobre la especificidad de hospedero en las interacciones cirrípedo–gorgonia del Pacífico oriental.

3. En *Stenothoe* cf. *georgiana*, la evidencia molecular y morfológica indica que la delimitación taxonómica basada solo en morfología es insuficiente para discriminar linajes dentro del complejo y en el género.

4. El gen COI permite una delimitación consistente de linajes dentro del complejo *Caprella scaura* s.l.

5. La variación morfológica entre los machos de *Teleophrys tumidus* de Isla Foca y ejemplares de mayor tamaño es ontogenética, esta variación no es limitante para el código de barras de ADN como puede serlo para la taxonomía.

9. Recomendaciones

- Ampliar el tamaño muestral por taxón. Se recomienda procesar al menos cinco individuos por especie o morfotipo en futuros estudios moleculares, a fin de obtener una representación más precisa de la variabilidad intraespecífica y evitar subestimaciones en la delimitación de MOTUs.

- Mejorar las condiciones de preservación del ADN: Para asegurar la integridad del material genético, se sugiere fijar inmediatamente los especímenes en etanol y mantenerlos refrigerados hasta su procesamiento.

- Optimizar el manejo de organismos pequeños: En el caso de especímenes de tamaño reducido, se recomienda extraer el ADN a partir de partes del organismo siempre que sea viable, para conservar un voucher morfológico.

- Contribuir a la curación de bases de datos genéticas: Es fundamental aumentar el número de secuencias depositadas en BOLD y GenBank con respaldo morfológico confiable, incluyendo imágenes de alta calidad de los vouchers físicos.

- Promover enfoques integrativos en regiones poco estudiadas: Se recomienda continuar generando evidencia morfológica y molecular en ecosistemas tropicales submuestreados como Isla Foca, ya que estas zonas pueden albergar especies aún no descritas o no registrados.

10. Referencias bibliográficas

Referencias

Ahn YU, Lee CW, Min GS. 2022. A new species of Gammarus (Crustacea, Amphipoda, Gammaridae) from South Korea. ZooKeys 1117:53–69. ISSN 13132970. doi: 10.3897/zookeys.1117.89610

Arai T, Ohno Y, Tomikawa K. 2022. A new species of the genus Podocerus from the Seto Inland Sea, Japan (Crustacea, Amphipoda, Podoceridae). ZooKeys 2022(1128):99–109. ISSN 13132970. doi:10.3897/zookeys.1128.91155

Arfianti T, Wilson S, Costello MJ. 2018. Progress in the discovery of amphipod crustaceans. PeerJ 6:e5187. doi:10.7717/peerj.5187

Baeza JA, Bolaños JA, Fuentes S, Hernandez JE, Lira C, López R. 2010. Molecular phylogeny of enigmatic Caribbean spider crabs from the Mithrax–Mithraculus species complex (Brachyura: Majidae: Mithracinae) ecological diversity and a formal test of genera monophyly. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom 90(4):851–858. doi:10.1017/S0025315409991044

Barnard JL. 1979. Littoral Gammaridean Amphipoda from the Gulf of California and the Galapagos Islands. Smithsonian Contributions to Zoology (271):1–147

Barnard JL, Karaman GS. 1991. The families and genera of marine gammaridean Amphipoda (except marine gammaroids). Part 2, volume 13. Sydney: Australian Museum, 419 – 866 pp. doi:10.3853/j.0812-7387.13.1991.91

Bayer F. 1981. Key to the genera of Octocorallia exclusive of Pennatulacea (Coelenterata: Antozhoa), wih diagnoses of new taxa. Proceedings of the Biological Society of Washington 94(3):902 – 947

Bayer FM, Grasshoff M, Verseveldt J. 1983. Illustrated Trilingual Glossary of Morphological and Anatomical Terms Applied to Octocorallia. Leiden: E. J.Brill, 75 pp. URL https://repository.si.edu/handle/10088/6237

Baytaşoğlu H, Aksu Ä, Özbek M. 2024. Gammarus sezgini sp. nov. (Arthropoda, Amphipoda, Gammaridae), a new amphipod species from the Eastern Black Sea region of Türkiye. Zoosystematics and Evolution 100(3):989–1004. ISSN 18600743. doi: 10.3897/ZSE.100.121692

Best RJ, Stachowicz JJ. 2013. Phylogeny as a Proxy for Ecology in Seagrass Amphipods: Which Traits Are Most Conserved? PLOS ONE 8(3):1–14. doi: 10.1371/journal.pone.0057550

Bousfield E, Hendrycsks E. 1994. A revision of family Pleustidae (Amphipoda: Gammaridea) part I. Systematics and biogeography of component subfamilies. Amphipacifica I(1):17–57

Breedy O, Cortés J. 2015. Gorgonias (Octocorallia: Gorgoniidae) del Pacífico Norte de Costa Rica. Revista de Biología Tropical 62(4):43–62. doi:10.15517/rbt.v62i4.20032

Breedy O, Guzman H. 2002. A revision of the genus Pacifigorgia (Coelentarata: Octocorallia: Gorgoniidae). Proceedings of the Biological society of Washington 115(4):782 – 839. URL https://biostor.org/reference/81383

Breedy O, Guzman H. 2007. A revision of the genus Leptogorgia Milne Edwards & Haime, 1857 (Coelenterata: Octocorallia: Gorgoniidae) in the eastern Pacific. Zootaxa 1419(1):1–90. doi:10.11646/zootaxa.1419.1.1

Breedy O, Guzman H. 2014. A new species of alcyonacean octocoral from the Peruvian zoogeographic region. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom 94(3):493–498. ISSN 14697769. doi:10.1017/S0025315413001835

Breedy O, Guzman H. 2016. A revision of the genus Muricea Lamouroux, 1821 (Anthozoa, Octocorallia) in the eastern Pacific. Part II. ZooKeys 581:1–69. ISSN 1313-2989. doi:10.3897/zookeys.581.7910

Breedy O, Guzman H. 2020. A revision of the genus psammogorgia verrill, 1868 (Cnidaria, Anthozoa, Octocorallia) in the tropical eastern pacific ocean. ZooKeys 961:1–30. ISSN 13132970. doi:10.3897/zookeys.961.54846

Breedy O, Guzman H, Vargas S. 2009. A revision of the genus Eugorgia Verril, 1868 (Coelentarata: Octocorallia: Gorgoniidae). Zootaxa 2151:1–46. doi: 10.11646/zootaxa.2151.1.1

Breedy O, Williams GC, Guzman H. 2013. Two new species of gorgonian octocorals from the Tropical Eastern Pacific Biogeographic Region (Cnidaria, Anthozoa, Gorgoniidae). ZooKeys 350:75–90. ISSN 13132989. doi:10.3897/zookeys.350.6117

Britayev T, Spiridonov V, Deart Y, El-Sherbiny M. 2017. Biodiversity of the community associated with Pocillopora verrucosa (Scleractinia: Pocilloporidae) in the Red Sea. Marine Biodiversity 47(4):1093–1109. doi:10.1007/s12526-017-0759-3

Bruce AJ. 1970. Report on some commensal pontoniinid shrimps (Crustacea: Palaemonidae) associated with an Indo-Pacific gorgonian host (Coelenterata: Gorgonacea). Journal of Zoology 160(4):537–544. ISSN 14697998. doi:10.1111/j.1469-7998.1970.tb03096.x

Brusca RC, Brusca GJ. 2005a. Invertebrados, chapter Filo Cnidarios (Cnidaria). McGraw-Hill/Interamericana de España, S.A.U., p. 237

Brusca RC, Brusca GJ. 2005b. Invertebrados, chapter Filo Artrópodos (Arthropoda): Los Crustáceos. McGraw-Hill/Interamericana de España, S.A.U., p. 557

Buhl-Mortensen L, Mortensen PB. 2004. Crustaceans associated with the deep-water gorgonian corals Paragorgia arborea (L., 1758) and Primnoa resedaeformis (Gunn., 1763). Journal of Natural History 38:1233–1247. ISSN 00222933. doi: 10.1080/0022293031000155205

Buhl-mortensen L, Mortensen P. 2005. Distribution and diversity of species associated with deep-sea gorgonian corals off Atlantic Canada. In: Freiwald A, Roberts M, editors, Cold-water corals and ecosystems. Berlin Heidelberg: Springer, pp. 849–879. doi:10.1007/3-540-27673-4

Bynum KH, Fox RS. 1977. New and noteworthy amphipod crustaceans from North Carolina, U.S.A. Chesapeake Science 18(1):1–33. ISSN 00093262. doi:10.2307/1350362

Cabezas MP, Cabezas P, Machordom A, Guerra-García JM. 2013. Hidden diversity and cryptic speciation refute cosmopolitan distribution in caprella penantis (Crustacea: Amphipoda: Caprellidae). Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research 51(2):85–99. ISSN 09475745. doi:10.1111/jzs.12010

Cabezas M, Xavier R, Branco M, Santos A, Guerra-García J. 2014. Invasion history of Caprella scaura Templeton, 1836 (Amphipoda: Caprellidae) in the Iberian Peninsula: Multiple introductions revealed by mitochondrial sequence data. Biological Invasions 16. doi:10.1007/s10530-014-0660-y

Cano G. 1889. Viaggio della R. Corvetta Vettor Pisani attorno al globo: Crostacei Brachiuri ed Anomuri. Bollettino della Società dei Naturalisti in Napoli 3:169–268. Pl. VII

Carrison-Stone D, Van Syoc R, Williams G, Brian Simison W. 2013. Two new species of the gorgonian inhabiting barnacle, Conopea (Crustacea, Cirripedia, Tho-

racica), from the Gulf of Guinea. ZooKeys 270:1–20. ISSN 13132989. doi: 10.3897/zookeys.270.3736

Carvalho S, Cúrdia J, Pereira F, Guerra-García JM, Santos MN, Cunha MR. 2013. Biodiversity patterns of epifaunal assemblages associated with the gorgonians Eunicella gazella and Leptogorgia lusitanica in response to host, space and time. Journal of Sea Research 85:37–47. ISSN 13851101. doi:10.1016/j.seares.2013.10.001

Celis A. 2007. Los cirripedios torácicos (Crustacea) de aguas someras de Tamaulipas, México. Revista mexicana de biodiversidad 78:325–337. ISSN 1870-3453. doi: 10.22201/ib.20078706e.2007.002.427

Cerrano C, Danovaro R, Gambi C, Pusceddu A, Riva A, Schiaparelli S. 2010. Gold coral (Savalia savaglia) and gorgonian forests enhance benthic biodiversity and ecosystem functioning in the mesophotic zone. Biodiversity and Conservation 19(1):153–167. ISSN 15729710. doi:10.1007/s10531-009-9712-5

Chan BK, Dreyer N, Gale AS, Glenner H, Ewers-Saucedo C, Pérez-Losada M, Kolbasov GA, Crandall KA, Høeg JT. 2021. The evolutionary diversity of barnacles, with an updated classification of fossil and living forms. Zoological Journal of the Linnean Society 193(3):789–846. ISSN 0024-4082. doi:10.1093/zoolinnean/zlaa160

Chan BK, Garm A, Høeg JT. 2008. Setal morphology and cirral setation of thoracican barnacle cirri: Adaptations and implications for thoracican evolution. Journal of Zoology 275(3):294–306. ISSN 09528369. doi:10.1111/j.1469-7998.2008.00441.x

Clare EL, Chain FJ, Littlefair JE, Cristescu ME. 2016. The effects of parameter choice on defining molecular operational taxonomic units and resulting ecological analyses of metabarcoding data. Genome 59(11):981–990. doi:10.1139/gen-2015-0184. PMID: 27336462

Cortés-Carrasco F, Elías-Gutiérrez M, del Socorro García-Madrigal M. 2022. Holothuriophilus trapeziformis Nauck, 1880 (Decapoda: Pinnotheridae) from the Pacific coast of Mexico: taxonomic revision based on integrative taxonomy. PeerJ 10:1–26. ISSN 21678359. doi:10.7717/peerj.12774

Costa FO, Henzler CM, Lunt DH, Whiteley NM, Rock J. 2009. Probing marine Gammarus (Amphipoda) taxonomy with DNA barcodes. Systematics and Biodiversity 7(4):365–379. doi:10.1017/S1477200009990120

Cúrdia J, Carvalho S, Pereira F, Guerra-García JM, Santos MN, Cunha MR. 2015. Diversity and abundance of invertebrate epifaunal assemblages associated with gorgonians are driven by colony attributes. Coral Reefs 34(2):611–624. doi:10.1007/s00338-015-1283-1

De Grave SD, Pentcheff ND, Ahyong ST, Chan TY, Crandall KA, Dworschak PC, Felder DL, Feldmann RM, Fransen CHJM, Goulding LYD, et al. 2009. A classification of living and fossil genera of decapod crustaceans. Raffles Bulletin of Zoology Supplement No. 21:1–109. URL http://hdl.handle.net/10088/8358

Dennis MM, Becker AA, Freeman MA. 2020. Pathology of multifocal purple spots, a nonspecific lesion morphology of Caribbean sea fans Gorgonia spp. Diseases of Aquatic Organisms 141:79–89. doi:10.3354/dao03523

d'Udekem d'Acoz C. 2000. Description of Pseudocoutierea wirtzi sp. nov., a new cnidarian-associated pontoniine shrimp from Cape Verde Islands, with decalcified meral swellings in walking legs (Crustacea, Decapoda, Caridea). Bulletin de l'Institut Royal des Sciences Naturelles de Belgique 70:69–90

Elías-Gutiérrez M, Valdez-Moreno M. 2008. A new cryptic species of Leberis Smirnov,

1989 (Crustacea, Cladocera, chydoridae) from the Mexican semi-desert region, highlighted by DNA barcoding. Hidrobiologica 18(1):63–74. ISSN 01888897

Felsenstein J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. Evolution 39(4):783–791. ISSN 1558-5646. doi:10.1111/j.1558-5646.1985.tb00420.x

Floyd R, Abebe E, Papert A, Blaxter M. 2002. Molecular barcodes for soil nematode identification. Molecular Ecology 11:839–850. doi:10.1046/j.1365-294x.2002.01485.x

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. ISSN 10536426. doi:10.1071/ZO9660275

Gamo S, Shinpo Y. 1992. A New Gammaridean Amphipod, Pleusymtes symbiotica, ectosymbiotic with a Japanese Gorgonacean Octocoral, Melithaea flabellifera (Kukenthal) from Sagami Bay. Bulletin of the Faculty of Science, Yokohama National University. Second category, Biology and Earth Sciences 39:1–11

Garth J. 1958. Brachyura of the pacific coast of america oxyrhyncha. Allan Hancock Pacific Expeditions 21(Parte I):1–499

Glynn PW, Enochs IC. 2011. Invertebrates and Their Roles in Coral Reef Ecosystems. In: Dubinsky Z, Stambler N, editors, Coral Reefs: An Ecosystem in Transition, 1st edition. Dordrecht Heidelberg London New York: Springer Netherlands. ISBN 9789400701144, pp. 273–325. doi:10.1007/978-94-007-0114-4

Goh NK, Ng PK, Chou LM. 1999. Notes on the shallow water gorgonian-associated fauna on coral reefs in Singapore. Bulletin of Marine Science 65(1):259–282. ISSN 00074977

Golla TR, Pieterse L, Jooste CM, Teske PR. 2020. Discovery of populations endemic to a

marine biogeographical transition zone. Diversity and Distributions 26(12):1825–1832. doi:10.1111/ddi.13162

Guerra-García JM, Thiel M. 2001. La fauna de caprélidos (Crustacea: Amphipoda: Caprellidae) de la costa de Coquimbo, centro-norte de Chile, con una clave taxonómica para la identificación de las especies. Revista Chilena de Historia Natural 74:873–883

Guo M, Yuan C, Tao L, Cai Y, Zhang W. 2022. Life barcoded by DNA barcodes. Conservation Genetics Resources 14(4):351–365. ISSN 1877–7260. doi:10.1007/s12686–022–01291–2

Hall T. 1999. Bioedit: A User-Friendly Biological Sequence ALigment Editor and Analisys Program for Window 95/98/ NT. Nucleic Acids Symposium Series 41:95–98

Hebert P, Cywinska A, Ball SL, DeWaard JR. 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences 270(1512):313–321. ISSN 09628452. doi:10.1098/rspb.2002.2218

Hebert P, Ratnasingham S, Jeremy R. 2003b. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 270(Suppl 1):S96–S99. doi:10.1098/rsbl.2003.0025

Henry D, Mclaughlin P. 1975. The barnacle of the Balanus amphitrite complex (Cirripedia, Thoracica). Zoologische Verhandelingen 141:246

Holthuis L. 1951. The Crustacea Decapoda Macrura of Chile. Reports of the Lund University Chile Expedition 1948–49 5:1–110

Hooker Y. 2009. Nuevos registros de peces costeros tropicales para el Perú. Revista Peruana de Biología 16(1):033– 041. ISSN 1561-0837. doi:10.15381/rpb.v16i1.192

Hooker Y, Barragan Y, Gamero D, More A. 2012. Inventario preliminar de la fauna sub-

acuática de Isla Foca, Piura. Informe Científico. NCI-Perú/Universidad Peruana Cayetano Heredia

Hooker Y, More A, Ubillus O. 2011. Propuesta de Creación de la Reserva Nacional Isla Foca

Horvath EA. 2019. A review of gorgonian coral species (Cnidaria, Octocorallia, Alcyonacea) held in the santa barbara museum of natural history research collection: Focus on species from Scleraxonia, Holaxonia, Calcaxonia - Part II: Species of Holaxonia, families Gorgoniidae and Plexauridae. ZooKeys 860:67–182. ISSN 13132970. doi: 10.3897/zookeys.860.33597

Hubert N, Hanner R. 2015. DNA Barcoding, species delineation and taxonomy: a historical perspective. DNA Barcodes 3(1). doi:10.1515/dna-2015-0006

Hughes LE, Lowry JK. 2010. Establishing a neotype for Elasmopus rapax Costa, 1853 and its presence as an invasive species in temperate Australian waters. Journal of Crustacean Biology 30(4):699–709. doi:10.1651/10-3290.1

Ibanez-Erquiaga B, Pacheco AS, Rivadeneira MM, Tejada CL. 2018. Biogeographical zonation of rocky intertidal communities along the coast of Peru (3.5–13.5 S Southeast Pacific). PLoS One 13(11):e0208244. doi:10.1371/journal.pone.0208244

Ip YCA, Tay YC, Gan SX, Ang HP, Tun K, Chou LM, Huang D, Meier R. 2019. From marine park to future genomic observatory? Enhancing marine biodiversity assessments using a biocode approach. Biodiversity Data Journal 7:e46833. doi:10.3897/BDJ.7.e46833

Ito A, Aoki MN, Yokobori Si, Wada H. 2010. The complete mitochondrial genome of Caprella scaura (Crustacea, Amphipoda, Caprellidea), with emphasis on the unique gene order pattern and duplicated control region. Mitochondrial DNA 21(5):183–190. doi:10.3109/19401736.2010.517834

Jabłońska A, Wrzesińska W, Zawal A, Pešić V, Grabowski M. 2020. Long-term within-basin isolation patterns, different conservation units, and interspecific mitochondrial DNA introgression in an amphipod endemic to the ancient Lake Skadar system, Balkan Peninsula. Freshwater Biology 65(2):209–225. doi:10.1111/fwb.13414

Jackson JBC. 1977. Competition on Marine Hard Substrata: The Adaptive Significance of Solitary and Colonial Strategies. The American Naturalist 111(980):743–767. ISSN 0003-0147. doi:10.1086/283203

Jimenez PJ, Chang K, Shih HT, Yasuhara M. 2024. Confirming the occurrence of two fiddler crabs, Tubuca dussumieri (H. Milne Edwards, 1852) and T. coarctata (H. Milne Edwards, 1852) (Crustacea: Decapoda: Ocypodidae), in Hong Kong by DNA barcoding and morphology. Zootaxa 5476(1):177–191. doi:10.11646/zootaxa.5476.1.17

Kimura M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution 16(2):111–120. ISSN 00222844. doi:10.1007/BF01731581

Knox MA, Hogg ID, Pilditch CA, Lörz AN, Hebert PDN, Steinke D. 2012. Mitochondrial DNA (COI) analyses reveal that amphipod diversity is associated with environmental heterogeneity in deep-sea habitats. Molecular Ecology 21(19):4885–4897. doi: 10.1111/j.1365-294X.2012.05729.x

Kodama M, Mukaida Y, Hosoki TK, Makino F, Azuma T. 2024. A new species of the genus Podoceropsis Boeck, 1861 (Crustacea: Amphipoda: Photidae) from Kagoshima Bay, Japan. Plankton and Benthos Research 19(3):141–152. ISSN 1882627X. doi: 10.3800/pbr.19.141

Kodama M, White KN, Hosoki TK, Yoshida R. 2022. Leucothoid amphipod and terebellid polychaete symbiosis with description of a new species of the genus Leucothoe

Leach, 1814 (Crustacea: Amphipoda: Leucothoidae). Systematics and Biodiversity 20(1):1833–1850. ISSN 14780933. doi:10.1080/14772000.2022.2118389

Kolbasov GA, Chan BK, Molodtsova TN, Achituv Y. 2016. Revision of the coral-inhabiting genus Conopea (Cirripedia: Archaeobalanidae) with description of two new species of the genera Conopea and Acasta. Zootaxa 4178(2):182–208. ISSN 11755334. doi: 10.11646/zootaxa.4178.2.2

Korzhavina OA, Hoeksema BW, Ivanenko VN. 2019. A review of Caribbean Copepoda associated with reef-dwelling cnidarians, echinoderms and sponges. Contributions to Zoology 88(3):297–349. ISSN 18759866. doi:10.1163/18759866-20191411

Korzhavina OA, Nikitin MA, Hoeksema BW, Armenteros M, Reimer JD, Ivanenko VN. 2024. Tracing Geographic and Molecular Footprints of Copepod Crustaceans Causing Multifocal Purple Spots Syndrome in the Caribbean Sea Fan Gorgonia ventalina. Diversity 16(280). doi:10.3390/d16050280

Krapp T, Lang C, Libertini A, Melzer RR. 2006. Caprella scaura Templeton, 1836 sensu lato (Amphipoda: Caprellidae) in the Mediterranean. Organisms Diversity and Evolution 6(2):77–81. ISSN 14396092. doi:10.1016/j.ode.2005.04.004

Krapp-schickel T. 2006. New Australian Stenothoids (Crustacea, Amphipoda) with key to all Stenothoe species. Bollettino del Museo Civico di Storia Naturale di Verona 30:39–56

Krapp-Schickel T. 2015. Minute but constant morphological differences within members of Stenothoidae: the Stenothoe gallensis group with four new members, keys to Stenothoe worldwide, a new species of Parametopa and Sudanea n. gen. (Crustacea: Amphipoda). Journal of Natural History 49(37-38):2309–2377. doi: 10.1080/00222933.2015.1021873

Kumagai NH. 2008. Role of food source and predator avoidance in habitat specialization by an octocoral-associated amphipod. Oecologia 155(4):739–749. doi: 10.1007/s00442-007-0941-6

Kumagai NH, Aoki MN. 2003. Seasonal changes in the epifaunal community on the shallow-water gorgonian Melithaea flabellifera. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom 83(6):1221–1222. ISSN 00253154. doi: 10.1017/S002531540300852X

Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K. 2018. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. Molecular Biology and Evolution 35(6):1547–1549. ISSN 15371719. doi:10.1093/molbev/msy096

Kupfner Jhonson S, Hallock P. 2020. A review of symbiotic gorgonian research in the western Atlantic and Caribbean with recommendations for future work. Coral Reefs 39(2):239–258. ISSN 1432-0975. doi:10.1007/s00338-020-01891-0

Laguna JE. 1990. Shore barnacles (Cirripedia, Thoracica) and a revision of their provincialism and transition zones in the tropical eastern Pacific. Bulletin of Marine Science 46(2):406–424

Laubitz DR. 1983. A revision of the family Podoceridae (Amphipoda: Gammaridea). In: Lowry JK, editor, Papers from the Conference on the Biology and Evolution of Crustacea, volume 18, chapter 6. Sydney: Australian Museum, pp. 77–86. doi:10.1016/0198-0254(83)96592-5

Laubitz D, Lewbel G. 1974. A new species of caprellid (Crustacea: Amphipoda) associated with gorgonian octocorals. Canadian Journal of Zoology ISSN 00084301. doi:10.1139/z06-901

Lecroy SE. 2000. An illustrated identification guide to the nearshore marine and estuari-

ne gammaridean Amphipoda of Florida 1. Families Gammaridae, Hadziidae, Isaeidae, Melitidae and Oedicerotidae. Reporte técnico, Florida Department of Environmental Protection, Tallahassee, Annual Report, Contract No. WM724

Lecroy SE. 2011. Families Leucothoidae, Liljeborgiidae, Neomegamphopidae, Ochlesidae, Phliantidae, Phoxocephalidae, Platyischnopidae, Pleustidae, Podoceridae, Pontoporeiidae, Sebidae, Stenothoidae, Synopiidae and Talitridae. Reporte técnico, Florida Department of Envornmental Protection, Division of Resource Assesment and Management, Bureau of Labnoratories, 2600 Blair Stone Road, Mail Station 6515, Tallahassee, Florida, Florida

Lessios H. 2008. The Great American Schism: Divergence of Marine Organisms After the Rise of the Central American Isthmus. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics 39:63–91. ISSN 1545-2069. doi:10.1146/annurev.ecolsys.38.091206.095815

Lin CW, Osawa M, Chan TY. 2007. A new Munidopsis (Crustacea: Decapoda: Galatheidae) associated with gorgonian corals from the deep waters off Taiwan. Proceedings of the Biological Society of Washington 120(2):167–174

Liu J, Xia J, Zhao L, Gu K, Kang X, Ding X, Zhao X, Zhuang M, Zhang J, He P. 2020. Species identification of epizoans from Ulva lactuca in Zhoushan sea area by using the DNA barcode technology. Chinese Journal of Marine Enviromental Science 39(6):874–879. doi:10.13634/j.cnki.mes.2020.06.009

Lowry JK. 1984. Maxillipius commensalis, a second species in the family Maxillipiidae from Papua New Guinea (Amphipoda, Gammaridea). Journal of Chemical Information and Modeling 53(9):1689–1699. ISSN 1098-6596. doi: 10.1017/CBO9781107415324.004

Lowry JK, Myers AA. 2013. A Phylogeny and Classification of the Senticaudata subord.

nov. (Crustacea: Amphipoda). Zootaxa 3610(1):001–080. ISSN 1175-5334. doi: 10.11646/zootaxa.3610.1.1

Lowry JK, Myers AA. 2017. A phylogeny and classification of the amphipoda with the establishment of the new order Ingolfiellida (Crustacea: Peracarida). Zootaxa 4265(1):1–89. ISSN 1175-5334. doi:10.11646/zootaxa.4265.1.1

Malay MCMD, Michonneau F. 2014. Phylogenetics and morphological evolution of coral-dwelling barnacles (Balanomorpha: Pyrgomatidae). Biological Journal of the Linnean Society 113(1):162–179. doi:10.1111/bij.12315

Marco-Herrero E, Cuesta JA, González-Gordillo JI. 2021. DNA barcoding allows identification of undescribed crab megalopas from the open sea. Scientific Reports 11:1–19. ISSN 20452322. doi:10.1038/s41598-021-99486-4

Martin JW, Felder DL, Truesdale F. 1984. A comparative study of morphology and ontogeny in juvenile stages of four western Atlantic xanthoid crabs (Crustacea: Decapoda: Brachyura). Philosophical Transactions of the Royal Society of London. B, Biological Sciences 303(1117):537–604

Martínez-Laiz G, Ros M, Guerra-García J, Faasse M, Santos A, Cabezas M. 2021. Using molecular data to monitor the post-establishment evolution of the invasive skeleton shrimp Caprella scaura. Marine Environmental Research 166:105266. ISSN 0141–1136. doi:10.1016/j.marenvres.2021.105266

McFadden CS, Van Ofwegen LP, Quattrini AM. 2022. Revisionary systematics of Octocorallia (Cnidaria: Anthozoa) guided by phylogenomics. Bulletin of the Society of Systematic Biologists 1(3). doi:10.18061/bssb.v1i3.8735

Méndez M. 1981. Claves de identificación y distribución de los langostinos y camarones (Crustacea: Decapoda) del mar y ríos de la costa del Perú. Boletin Instituto del Mar del

Perú 5:1–170. ISSN 0378-7699. URL https://revistas.imarpe.gob.pe/index.php/boletin/article/view/234/225

Mendoza C. 2022. Identificación morfológica y molecular para decápodos de la familia Porcellanidae (Anomura: Galatheoidea) colectados en el intermareal y submareal peruano. Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Miranda J. 2023. Colonización de macrobentos en sustrato artificial establecidos frente a Playa Blanca - Isla Foca - Paita. Universidad Nacional de Piura

Mohrbeck I, Horton T, Jażdżewska AM, Martinez Arbizu P. 2021. DNA barcoding and cryptic diversity of deep-sea scavenging amphipods in the Clarion-Clipperton Zone (Eastern Equatorial Pacific). Marine Biodiversity 51(2):26. doi:10.1007/s12526-021-01170-3

Moreno M. 2005. De la taxonomía tradicional a las filogenias moleculares. Bol. R. Soc. Esp. Hist. Nat. (Sec. Biol.) 100(1-4):45–65

Moron O. 2000. Características del ambiente marino frente a la costa peruana. Boletín del Instituto del Mar del Perú 19(1-2):179–204

Moscoso V. 2012. Catálogo de crustáceos decápodos y estomatópodos del Perú. Boletín del Instituto del Mar del Perú 27(1-2):1–212

Moura CJ, Wirtz P, Nhanquê FT, Barbosa C, Serrão E, Van Syoc R. 2024. Range extension for Conopea saotomensis (Crustacea; Cirripedia: Archaeobalanidae) in the tropical eastern Atlantic. Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom 104:e81. doi:10.1017/S0025315424000729

Myers AA, Hall-Spencer JM. 2004. A new species of amphipod crustacean, Pleusymtes comitari sp. nov., associated with gorgonians on deep-water coral reefs off Ireland.

Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom 84(5):1029–1032. ISSN 00253154. doi:10.1017/S0025315404010367h

Naderloo R. 2017. Atlas of Crabs of the Persian Gulf. Cham: Springer. ISBN 9783319493725, 444 pp. doi:10.1007/978-3-319-49374-9

Newman WA, Ross A. 1976. Revision of the balanomorph barnacles; including a catalog of the species. San Diego Society of Natural History, Memoir 9:1–108. URL https://www.marinespecies.org/aphia.php?p=sourcedetails&id=168254

Ng PK, Goh NK. 1996. Notes on the taxonomy and ecology of Aliaporcellana telestophila (Johnson, 1958) (Decapoda, Anomura, Porcellanidae), a crab commensal on the gorgonian Solenocaulon. Crustaceana 69(5):652–661. ISSN 0011216X. doi:10.1163/156854096X00655

Novoa J, Hooker Y, Garcia A. 2010. Isla Foca: Guia de Fauna silvestres. Piura-Perú: Naturaleza y Cultura Internacional- CONCYTEC. ISBN 9789972501081, 112 pp. doi:10.13140/RG.2.1.2056.1364

Ortiz A. 2022. Claves ilustradas para la clasificación de los cangrejos marinos y estuarinos (Malacostraca: Brachyura) de Cuba I. Item Type Journal Contribution. Revista Investigaciones Marinas 42(1):17–36. doi:10.5281/zenodo.11359116

Patton WK. 1972. Studies on the Animal Symbionts of the Gorgonian Coral , Leptogorgia (Lamarck). Bulletin of Marine Science 22(2):419–431

Peart RA, Woods CM, Sutherland JE, Cox SL. 2019. Confirmation of Caprella scauroides Mayer, 1903 (Crustacea: Amphipoda) from New Zealand, using integrative techniques. Zootaxa 4686(3):361–375. doi:10.11646/zootaxa.4686.3.3

Pérez-Schultheiss J, Ibarra D. 2017. Anfípodos exóticos del género Stenothoe Dana, 1852 (Amphipoda: Amphilochidea: Stenothoidae) en el fouling de Chi-

le. Boletin del Museo Nacional de Historia Natural, Chile 66(2):283–296. doi: 10.54830/bmnhn.v66.n2.2017.62

Poliseno A, Feregrino C, Sartoretto S, Aurelle D, Wörheide G, McFadden CS, Vargas S. 2017. Comparative mitogenomics, phylogeny and evolutionary history of Leptogorgia (Gorgoniidae). Molecular Phylogenetics and Evolution 115:181–189. doi: 10.1016/j.ympev.2017.08.001

Pons J, Barraclough TG, Gomez-Zurita J, Cardoso A, Duran DP, Hazell S, Kamoun S, Sumlin WD, Vogler AP. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. Systematic Biology 55(4):595–609. ISSN 10635157. doi:10.1080/10635150600852011

Ponti M, Grech D, Mori M, Perlini RA, Ventra V, Augusto P, Carlo P. 2016. The role of gorgonians on the diversity of vagile benthic fauna in Mediterranean rocky habitats. Marine Biology ISSN 1432-1793. doi:10.1007/s00227-016-2897-8

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. ISSN 1755098X. doi:10.1111/1755-0998.12132

Radulovici AE, Sainte-Marie B, Dufrense F. 2009. DNA barcoding of marine crustaceans from the Estuary and Gulf of St Lawrence: a regional-scale approach. Molecular Ecology Resources 9(s1):181–187. doi:10.1111/j.1755-0998.2009.02643.x

Ramírez JL, Rosas-Puchuri U, Cañedo RM, Alfaro-Shigueto J, Ayon P, Zelada-Mázmela E, Siccha-Ramirez R, Velez-Zuazo X. 2020. DNA barcoding in the Southeast Pacific marine realm: Low coverage and geographic representation despite high diversity. PLoS ONE 15(12):e0244323. ISSN 19326203. doi:10.1371/journal.pone.0244323

Ramírez JL, Simbine L, Marques CG, Zelada-m E, Reyes-flores LE, Adolfo SL, Gusm

J, Tavares C, Galetti PM, Freitas PD. 2021. DNA Barcoding of Penaeidae (Decapoda; Crustacea): Non-Distance-Based Species Delimitation of the Most Economically Important Shrimp Family. Diversity 13:460. doi:10.3390/d13100460

Rathbun MJ. 1925. The spider crabs of America. Bulletin of the United States National Museum 15:i–xx, 1–613, 153 figs, 283 pls. doi:10.5479/si.03629236.129.i

Rathbun MJ. 1930. The cancroid crabs of America of the families Euryalidae, Portunidae, Atelecyclidae, Cancridae and Xanthidae. Bulletin of the United States National Museum 15:i–xvi, 1–609, 85 figs, 230 pls. doi:10.5479/si.03629236.152.i

Ratnasingham S, Hebert PDN. 2013. A DNA-Based Registry for All Animal Species: The Barcode Index Number (BIN) System. PLOS ONE 8(7):1–16. doi: 10.1371/journal.pone.0066213

Raupach MJ, Barco A, Steinke D, Beermann J, Laakmann S, Mohrbeck I, Neumann H, Kihara TC, Pointner K, Radulovici A, et al. 2015. The application of DNA barcodes for the identification of marine crustaceans from the North Sea and adjacent regions. PLoS ONE 10(9). ISSN 19326203. doi:10.1371/journal.pone.0139421

Ryberg M. 2015. Molecular operational taxonomic units as approximations of species in the light of evolutionary models and empirical data from Fungi. Molecular Ecology 24(23):5770–5777. doi:10.1111/mec.13444

Saiki RK, Stoffel S, Scharf SJ, Higuchi R, Horn GT, Mullis KB, Erlich HA. 1988. Primer-Directed Enzymatic Amplification of DNA with a Thermostable DNA Polymerase. Science 239(4839):487–491. doi:https://doi.org/10.1126/science.2448875

Saitou N, Nei M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Molecular biology and evolution 4(4):406–425. ISSN 07374038. doi:10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454

SERNANP. 2024. Reserva Nacional Mar Tropical de Grau

Smith RE, Grutter AS, Tibbetts IR. 2012. Extreme habitat specialisation and population structure of two gorgonian-associated pygmy seahorses. Marine Ecology Progress Series 444(January):195–206. ISSN 01718630. doi:10.3354/meps09471

Soler M. 2016. Biología de la conservación de las comunidades de gorgonias tropicales en el Pacífico Oriental (Ecuador). Tesis doctoral, Universidad Internacional Menéndez Pelayo, España.

Soler M, Megina C, López P. 2018. Structure of gorgonian epifaunal communities in Ecuador (Eastern Pacific). Coral Reefs 37(3):723–736. ISSN 07224028. doi: 10.1007/s00338-018-1697-7

Soler-Hurtado MDM, Machordom A, Muñoz J, López-González PJ. 2016. New records of the genera Leptogorgia, Pacigorgia and Eugorgia (Octocorallia: Gorgoniidae) from Ecuador, with a description of a new species. Scientia Marina 80(3):369–394. ISSN 0214-8358. doi:10.3989/scimar.04392.14a

Spalding MD, Fox HE, Allen GR, Davidson N, Ferdaña ZA, Finlayson M, Halpern BS, Jorge MA, Lombana A, Lourie SA, et al. 2007. Marine Ecoregions of the World: A Bioregionalization of Coastal and Shelf Areas. BioScience 57(7):573–583. ISSN 0006-3568. doi:10.1641/b570707

Standing JD, Hooper I, Costlow J. 1984. Inhibition and induction of barnacle settlement by natural products present in octocorals. Journal of chemical ecology 10(6):823–834

Taboada S, Altuna Á, Sánchez F, Junoy J. 2019. A new species of Astacilla (Crustacea: Isopoda: Valvifera) from the Le Danois Bank (N Spain, NE Atlantic), living on Placogorgia sp. (Cnidaria: Octocorallia) with notes on the cnidarian host. Deep-Sea Research

Part I: Oceanographic Research Papers 148(May):108–122. ISSN 09670637. doi: 10.1016/j.dsr.2019.04.016

Tamburus AF, Mantelatto FL. 2016. Taxonomic and Biogeographical Status of Three Species of the Spider Crabs of the Genus Acanthonyx Latreille, 1828 (Majoidea: Epialtidae) as Determined by DNA Barcoding and Morphological Analyses Along the Western Atlantic. Zoological Studies 55(23):17. ISSN 1810522X. doi:10.6620/ZS.2016.55-23

Teodoro SS, Terossi M, Mantelatto FL, Costa RC. 2016. Discordance in the identification of juvenile pink shrimp (Farfantepenaeus brasiliensis and F. paulensis: Family Penaeidae): An integrative approach using morphology, morphometry and barcoding. Fisheries Research 183:244–253. ISSN 01657836. doi:10.1016/j.fishres.2016.06.009

Thomas JD. 1996. Ecology and Behavior of Maxillipius commensalis, a Gorgonophile Amphipod from Madang, Papua New Guinea (Crustacea: Amphipoda: Maxillipiidae). Bulletin of Marine Science 58(1):314–323

Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ. 1994. CLUSTAL W: Improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Research 22(22):4673–4680. ISSN 03051048. doi:10.1093/nar/22.22.4673

Uribe RA, Nakamura K, Indacochea A, Pacheco AS, Hooker Y, Schrödl M. 2013. A review on the diversity and distribution of opisthobranch gastropods from Peru, with the addition of three new records: (Gastropoda, Heterobranchia). Spixiana 36(1):46–60. ISSN 03418391

Van Syoc R, Carrison-Stone D, Madrona L, Williams G. 2014. The Coral Triangle, The 2011 Hearst Philippine Biodiversity Expedition, chapter Barnacle symbionts of gorgonian sea fans, description of seven new species (Archaeobalanidae: Cirripedia) from

the Philippines, Including a Key to the Western Pacific species of Conopea. 1st edition. California Academy of Sciences. ISBN 0-940228-75-0, pp. 171–211

Venera-Pontón DE, Driskell AC, De Grave S, Felder DL, Scioli JA, Collin R. 2020. Documenting decapod biodiversity in the Caribbean from DNA barcodes generated during field training in taxonomy. Biodiversity Data Journal 8:e47333. doi: 10.3897/BDJ.8.e47333

Wang Y, Sha Z, Ren X. 2023. A new species of Orchomenella (Amphipoda, Tryphosidae) described from hydrothermal vent in the Okinawa Trough, Northwest Pacific. ZooKeys 1184:261–271. ISSN 13132970. doi:10.3897/zookeys.1184.111420

Wendt P, Van Dolah R, O'Rourke C. 1985. A Comparative Study of the Invertebrate Macrofauna Associated with Seven Sponge and Coral Species Collected from the South Atlantic Bight. Journal of the Elisha Mitchell Scientific Society 101(3):187–203. ISSN 00136220

Wicksten MK, Cox C. 2011. Invertebrates associated with gorgonians in the northern Gulf of Mexico. Marine Biodiversity Records 4:e79. ISSN 17552672. doi: 10.1017/S1755267211000741

Windsor AM, Felder DL. 2014. Molecular phylogenetics and taxonomic reanalysis of the family Mithracidae MacLeay (Decapoda: Brachyura: Majoidea). Invertebrate Systematics 28(2):145–173. ISSN 14455226. doi:10.1071/IS13011

Yu Mc, Kolbasov GA, Hosie AM, Lee Tm, Chan BKK. 2017. Descriptions of four new sponge-inhabiting barnacles (Thoracica: Archaeobalanidae: Acastinae). Zootaxa 4277(2):151–198. doi:https://doi.org/10.11646/zootaxa.4277.2.1

Zabin CJ, Zardus J, Pitombo FB, Fread V, Hadfield MG. 2007. A tale of three seas: con-

sistency of natural history traits in a Caribbean–Atlantic barnacle introduced to Hawaii. Biological Invasions 9(5):523–544

Zardus JD, Lake DT, Frick MG, Rawson PD. 2014. Deconstructing an assemblage of “turtle” barnacles: species assignments and fickle fidelity in Chelonibia. Marine biology 161(1):45–59. doi:10.1007/s00227-013-2312-7

Zavalaga F, Santamaría J, Siccha-Ramírez R. 2024. Integración de análisis morfológicos y genéticos para identificación de invertebrados bento-demersales en el mar peruano. Boletín del Instituto del Mar del Perú 39(2):e404. doi: https://doi.org/10.53554/boletin.v39i2.404

Zhang J, Kapli P, Pavlidis P, Stamatakis A. 2013. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. Bioinformatics 29(22):2869–2876. ISSN 13674803. doi:10.1093/bioinformatics/btt499

11. ANEXOS

Anexo A: Fauna asociada a corales gorgónidos de diferentes regiones del mundo

Los nombres y clasificaciones de las especies se verificaron y actualizaron de acuerdo con la base de datos WORMS n diciembre del 2024. Los nombres científicos marcados con un asterisco (*) fueron actualizados o corregidos según la nomenclatura en la base de datos WoRMS. Las abreviaciones utilizadas para las ubicaciones en la tabla corresponden a los siguientes códigos: Beaufart - North Carolina (BNC), Coast of Southern California (CSC), Este de St. Catherine´s Island - Georgia (SCG), Golfo de México - Mexico Beach (GMMB), Isle aux Canard y Îlot Maître (ICM), Izu Peninsula - Japan (IZU), Kusu Island (KUSU), Northeast Channel - Nova Scotia (NCS), Papua New Guinea (PNG), Papua New Guinea - Madang (PNGM), Pedra da Greta - Algarve Coast - Portugal (PGP), Pulau Subar Laut - Singapore (PSL), Pulau Tekong (PTK), Sagami Bay - Japan (SGM), Singapore (SGP), Sur Indonesia (SIN), Tavolara Island - Portofino Promontory (TAVP), Terumbu Buram (TBM), Terumbu Pempang Laut - Singapur (TPL), Terumbu Pempang Tengah - Singapur (TPT) y Terumbun Panda (TPA).

Autor	Gorgonia	Filo	Taxón	Ubicación
Bruce (1970)	*Melithaea ellisi**	Arthropoda	*Hamodactylus boschmai*	ICM
Bruce (1970)	*Melithaea ellisi**	Arthropoda	*Hamodactylus noumeae*	ICM
Bruce (1970)	*Melithaea ellisi**	Arthropoda	*Manipontonia psamathe**	ICM
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Aeginella spinosa*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	Amphipoda	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Amphithopsis longicaudata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Buroprus* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Enalcyonium* cf. *olssoni*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Eusergestes arcticus**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Gitana abyssicola*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Ischyrocerus megacheir*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Leucothoe spinicarpa*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	Lichomolgidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Metopa bruzelii*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Metopa bruzelii*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Munna boeckii**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Pandalus propinqvus**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Pandalus propinqvus**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Paradoxostoma* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Prionotoleberis abyssicola**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Proboloides calcarata**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Proboloides calcarata**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Stenopleustes malmgreni*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Stenopleustes malmgreni*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Stenopleustes* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Themisto compressa*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Themisto compressa*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Weltnerium stroemii**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2004)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Weltnerium stroemii**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Cnidaria	*Acryptolaria conferta*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Cnidaria	*Actiniaria* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Actiniaria* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Cnidaria	*Actiniaria* sp. 2	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Actiniaria* sp. 2	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Actiniaria* sp. D	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Actiniaria* sp. E	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Aeginina longicornis*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Alvania syngenes*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	Amphipoda ind	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Amphissa acutecostata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Mollusca	Anomiidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	Anomiidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	Aplacophora	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Archypolycope punctata*	NCS

Autor	Gorgonia	Filo	Taxón	Ubicación
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Aristias megalops*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	Asteriidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Astrononion* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Mollusca	*Bathypolypus bairdii*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Buccinum finmarkianum**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Caprella* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	Caprellidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Chirona hameri*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Annelida	*Chone* sp. A	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Annelida	*Chone* sp. B	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	*Chone* sp. B	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Porifera	*Cibicides refulgens*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Cibicides refulgens*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Cladocarpus integer*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Clavularia* cf. *griegii*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Conglophragmium coronatum*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Porifera	*Cribroelphidium incertum*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Cuthona* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Cyclammina cancellata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Delectopecten vitreus*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Porifera	*Dendrophrya* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Foraminifera	*Discanomalina coronata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Discanomalina coronata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Discanomalina semipunctata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Discanomalina vermiculata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Foraminifera	*Discanomalina vermiculata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Discorbis* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Discospirina* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Dorhynchus thomsoni*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Duva* cf. *florida**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Epizoanthus* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Eponides* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Cnidaria	*Eudendrium ramosum*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Eudendrium ramosum*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Eudendrium* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	*Eunice pennata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	*Eunice* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Bryozoa	*Exidmonea atlantica**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Porifera	*Farrea occa*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Filellum serpens*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Foraminifera	Foraminifera	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Globigerina bulloides*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Foraminifera	*Globigerina* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Porifera	*Globorotalia* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Echinodermata	*Gorgonocephalus lamarckii*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	*Gorgonocephalus lamarckii*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	Halacarinae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Hanleya hanleyi*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Harpacticoida	*Leptogorgia virgulata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	*Hathrometra tenella*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Heteralepas cantelli*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Heteranomia squamula*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Cnidaria	Hydrozoa	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	Hydrozoa	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	Hydrozoa	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	Hydrozoa	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Lafoea dumosa*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Cnidaria	*Lafoea dumosa*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Foraminifera	*Laminononion tumidum**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Mollusca	*Lepeta caeca*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Leptochiton* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Foraminifera	*Lobatula lobatula**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	Lysianassidae indet	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Munna boeckii**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Neopleustes pulchellus*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Annelida	*Nereis* sp. A	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Annelida	*Nereis* sp. B	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	Nymphonidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Echinodermata	*Ophiacantha abyssicola*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	*Ophiacantha abyssicola*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Echinodermata	*Ophiacantha anomala**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Echinodermata	*Ophiopholis aculeata*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	*Ophiopholis aculeata*	NCS

Autor	Gorgonia	Filo	Taxón	Ubicación
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	*Ophiosabine anomala**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	*Ophiotreta spectabilis**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Echinodermata	Ophiuroidea	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	Pectinidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Planulina ariminensis*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Porifera	*Planulina bradii*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Pododesmus squama*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Annelida	Polynoidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	Polynoidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Annelida	Polynoidae 1	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Annelida	Polynoidae 2	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Primnoa resedaeformis*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	*Proaeginina norvegica*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Ptychogena crocea*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Rhizocaulus verticillatus*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	*Rhodine* sp.*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Porifera	*Robulus* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Robulus* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	Sabellidae indet	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Saccammina sphaerica*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Bryozoa	*Scrupocellaria scrupea*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	Serpulidae	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Sertularella* cf. *polyzonias*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Sertularella tenella*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Sphaeroidina bulloides*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	Spirorbinae*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Stenopleustes nodifer*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Arthropoda	*Stenothoe marina*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Porifera	*Sycon* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Porifera	*Sycon* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	Syllidae sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Paragorgia arborea*	Arthropoda	Tanaidacea	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Bryozoa	*Tessaradoma boreale*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Cnidaria	*Trachythela rudis**	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Mollusca	*Trochaclis* sp.	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Foraminifera	*Trochammina nana*	NCS
Buhl-Mortensen y Mortensen (2005)	*Primnoa resedaeformis*	Annelida	Typosyllidae sp.	NCS
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Anoplodactylus pygmaeus*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Astacilla* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Astacilla* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	Bivalvia sp. 1	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	Bivalvia sp. 1	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	Bivalvia sp. 2	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Calliostoma zizyphinum*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Caprella acanthifera*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Caprella acanthifera*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Caprella fretensis*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Caprella fretensis*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Caprella fretensis*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Chondrochelia savignyi**	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Annelida	Cirratulidae	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Colomastix pusila*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Cnidaria	*Corynactis viridis*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Cnidaria	*Corynactis viridis*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Ericthonius punctatus*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Ericthonius punctatus*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Ericthonius punctatus*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Eualus cranchii**	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Gammaropsis* cf. *crenulata*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Gammaropsis* cf. *crenulata*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Gammaropsis* cf. *crenulata*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Gammaropsis* cf. *crenulata*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Gammaropsis sophiae*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	*Hiatella arctica*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Hiatella arctica*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Annelida	*Hydroides nigra*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Jujubinus striatus*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Kellia* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Leptocheirus* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	*Loripes* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Maera* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	*Modiolus* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	*Musculus costulatus*	PGP

Autor	Gorgonia	Filo	Taxón	Ubicación
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Nematonda	Nematoda	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Neoischyrocerus inexpectatus**	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Neoischyrocerus inexpectatus**	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Annelida	*Ophryotrocha labronica*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	Ostracoda	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	Ostracoda	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	Ostracoda	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Ostrea edulis*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	Pectinida*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Eunicella gazella	Phanerobranchia_informal	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Phtisica marina*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Phtisica marina*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Platyhelminthes	Platyhelminthes*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Porifera	Porifera sp. 2	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	Rissoidae	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Scacchia zorni*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Simnia* sp.elta	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Stenothoe* cf. *cavimana*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Arthropoda	*Stenothoe* cf. *cavimana*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Arthropoda	*Stenothoe* cf. *gallensis*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	*Tellina* sp.*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Tellina* sp.*	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Eunicella gazella*	Mollusca	*Tritonia* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Tritonia* sp.	PGP
Carvalho et al. (2013)	*Leptogorgia lusitanica*	Mollusca	*Varicorbula gibba**	PGP
Gamo y Shinpo (1992)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Pleusymtes symbiotica*	SGM
Go et al. (1999)	*Echinogorgia* sp.	Arthropoda	*Acasta navicula**	TPT
Go et al. (1999)	*Solenocaulon* sp.	Arthropoda	Aliaporcellana telestophila	TPT
Go et al. (1999)	*Junceella* sp.	Chordata	*Bryaninops amplus*	PSL
Go et al. (1999)	*Subergorgia suberosa*	Echinodermata	*Colochirus quadrangularis*	TPT
Go et al. (1999)	*Echinogorgia* sp.	Mollusca	*Crenavolva* cf. *striatula**	PSL
Go et al. (1999)	*Melithaea robusta**	Mollusca	*Ergalatex contracta**	PSL
Go et al. (1999)	*Ctenocella pectinata*	Arthropoda	*Hamodactylus boschmai*	TPT
Go et al. (1999)	Other gorgonian	Arthropoda	*Hamodactylus noumeae*	SGP
Go et al. (1999)	*Annella mollis**	Arthropoda	*Hyastenus* sp.	PSL
Go et al. (1999)	*Echinomuricea pulchra*	Porifera	*Leucetta* sp.	TPT
Go et al. (1999)	*Solenocaulon* sp.	Arthropoda	*Lissoporcellana quadrilobata*	TPT
Go et al. (1999)	*Solenocaulon* sp.	Arthropoda	*Lissoporcellana* sp.inuligera	TPT
Go et al. (1999)	*Melithaea robusta**	Arthropoda	*Manipontonia psamathe*	KUSU
Go et al. (1999)	Ctenocella (Umbracella)**	Cnidaria	*Nemanthus* cf. *annamensis*	PSL
Go et al. (1999)	*Solenocaulon* sp.	Echinodermata	*Ophiopsammium semperi*	TPT
Go et al. (1999)	Other gorgonian	Echinodermata	*Ophiothela danae**	TPT
Go et al. (1999)	*Solenocaulon* sp.	Echinodermata	*Ophiothela mirabilis**	TPT
Go et al. (1999)	*Solenocaulon* sp.	Echinodermata	*Ophiothela venusta*	TPT
Go et al. (1999)	Other gorgonian	Echinodermata	*Ophiothrix* (*Ophiothrix*) *miles**	TPT
Go et al. (1999)	*Melithaea robusta**	Mollusca	*Phenacovolva nectarea**	PTK
Go et al. (1999)	Other gorgonian	Mollusca	*Phenacovolva rosea**	PTK
Go et al. (1999)	Other gorgonian	Arthropoda	*Podocerus* sp. 1	TPT
Go et al. (1999)	Ctenocella (Umbracella)**	Arthropoda	*Podocerus* sp. 2	PSL
Go et al. (1999)	*Subergorgia suberosa*	Mollusca	*Pollia fumosa**	TBM
Go et al. (1999)	*Euplexaura* cf. *pinnata*	Mollusca	*Primovula* cf. *dentata*	TPT
Go et al. (1999)	*Subergorgia suberosa*	Mollusca	*Primovula* cf. *rosewateri**	TPT
Go et al. (1999)	*Annella mollis**	Mollusca	*Pteria* sp.	TPT
Go et al. (1999)	*Ctenocella pectinata**	Annelida	*Syllis* sp.	TPA
Go et al. (1999)	*Solenocaulon* sp.	Arthropoda	*Synalpheus neomeris*	TPL
Go et al. (1999)	*Ctenocella pectinata**	Mollusca	*Tritonia* sp.	TPT
Go et al. (1999)	Ctenocella (Umbracella)**	Cnidaria	*Tubularia* sp.	PSL
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Annelida	*Alcyonosyllis glasbyi*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Platyhelminthes	*Apidioplana okadai*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Caprella californica*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Caprella scaura*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Dulichia* sp.	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Enalcyonium* sp.	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Incisocalliope symbioticus*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Microjassa cumbrensis*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Arthropoda	*Oncaea venusta venusta*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Echinodermata	*Ophiothela danae*	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Mollusca	*Pteria heteroptera**	IZU
Kumagai y Aoki (2003)	*Melithaea japonica**	Mollusca	*Sandalia triticea*	IZU
Laubitz y Lewbel (1974)	*Leptogorgia chilensis**	Arthropoda	*Caprella gorgonia*	CSC
Lowry (1984)	*Melithaea* sp.	Arthropoda	*Maxillipius commensalis*	PNG
Patton (1972)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Conopea galeata**	BNC
Patton (1972)	*Leptogorgia virgulata*	Mollusca	*Cyphoma* sp.	BNC

Autor	Gorgonia	Filo	Taxón	Ubicación
Patton (1972)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	Lamippidae	BNC
Patton (1972)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Neopontonides beaufortensis*	BNC
Patton (1972)	*Leptogorgia virgulata*	Mollusca	*Pteria colymbus*	BNC
Patton (1972)	*Leptogorgia virgulata*	Mollusca	*Simnialena uniplicata**	BNC
Patton (1972)	*Leptogorgia virgulata*	Mollusca	*Tritonicula wellsi**	BNC
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Achelia echinata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Achelia langi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Achelia langi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Alpheus macrocheles*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Alpheus macrocheles*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Alvania cancellata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Alvania discors*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Alvania discors*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Alvania linata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Alvania linata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Ammothella longipes*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Amphilochoides longimanus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Echinodermata	*Amphipholis squamata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Echinodermata	*Amphipholis squamata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Ampithoe riedli*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Ampithoe riedli*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Anchialina agilis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Echinodermata	*Antedon mediterranea*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Aora gracilis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Aora gracilis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Aora spinicornis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Aora spinicornis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Echinodermata	*Arbaciella elegans*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Arca noae*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Astacilla dilatata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Athanas nitescens*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Athanas nitescens*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Balssia gasti*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Calcinus tubularis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Calliostoma conulus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Calliostoma conulus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Callipallene brevirostris*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Callipallene brevirostris*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Callipallene phantoma*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Callipallene phantoma*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Callipallene spectrum*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Callipallene spectrum*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Caloria elegans*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Caprella acanthifera acanthifera*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Catriona gymnota*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Catriona gymnota*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Cestopagurus timidus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Cestopagurus timidus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Chauvetia mamillata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Chauvetia mamillata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Annelida	*Chrysopetalum debile*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Annelida	*Chrysopetalum debile*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Clanculus corallinus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Clanculus corallinus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Clio pyramidata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Clio pyramidata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Creseis acicula**	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Creseis acicula**	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Crisilla semistriata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Crisilla semistriata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Cumella* (Cumella) limicola*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Cumella* (Cumella) limicola*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Cyrillia linearis**	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Dexamine spinosa*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Dexamine spinosa*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Emarginula octaviana*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Endeis charybdaea*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Endeis spinosa*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Endeis spinosa*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Eualus cranchii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Eualus cranchii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Eualus occultus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Eusiroides dellavallei*	TAVP

Autor	Gorgonia	Filo	Taxón	Ubicación
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Eusiroides dellavallei*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Flexopecten glaber*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Galathea intermedia*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Galathea nexa*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Galathea nexa*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Guernea* (Guernea) coalita*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Haliotis tuberculata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Hippolyte leptocerus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Hippolyte leptocerus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Hippolyte sapphica*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Hippolyte varians*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Inachus phalangium*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Iphimedia brachygnatha*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Iphimedia brachygnatha*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Iphimedia carinata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Iphimedia carinata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Iphimedia eblanae*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Jassa marmorata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Jassa marmorata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Jujubinus exasperatus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Jujubinus exasperatus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Luria lurida*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Lysianella dellavallei*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Macropodia czernjawskii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Marionia blainvillea*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Marionia blainvillea*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Mimachlamys varia*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Mimachlamys varia*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Muricopsis cristata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Muricopsis cristata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Musculus subpictus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Musculus subpictus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Echinodermata	*Ophiothrix fragilis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Pagurus chevreuxi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Pagurus forbesii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Paramuricea clavata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Peltocoxa marioni*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Pereionotus testudo*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Pereionotus testudo*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Periclimenes aegylios*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Periclimenes aegylios*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Periclimenes scriptus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Phtisica marina*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Phtisica marina*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Pilumnus hirtellus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Pilumnus hirtellus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Pisa armata*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Annelida	*Platynereis dumerilii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Annelida	*Platynereis dumerilii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Annelida	*Polyophthalmus pictus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Annelida	*Polyophthalmus pictus*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Processa elegantula*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Processa macrophthalma*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Processa macrophthalma*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Pseudoprotella phasma*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Pseudoprotella phasma*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Pusia tricolor**	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Pusillina philippi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Pusillina philippi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Rhyssoplax olivacea**	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Simnia spelta*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Siriella clausii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Sirpus zariquieyi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Sirpus zariquieyi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Annelida	*Spio filicornis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Stenothoe eduardi*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Stenothoe monoculoides*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Tanystylum conirostre*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Tanystylum orbiculare*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Mollusca	*Tetrarca tetragona*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Platyhelminthes	*Thysanozoon brocchii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Platyhelminthes	*Thysanozoon brocchii*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Tritia incrassata*	TAVP

Autor	Gorgonia	Filo	Taxón	Ubicación
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Mollusca	*Truncatella subcylindrica*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Trygaeus communis*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Eunicella cavolini*	Arthropoda	*Uromunna petiti*	TAVP
Ponti et al. (2016)	*Paramuricea clavata*	Arthropoda	*Uromunna petiti*	TAVP
Smith et al. (2012)	*Muricella* sp.	Chordata	*Hippocampus bargibanti*	SIN
Smith et al. (2012)	*Annella reticulata*	Chordata	*Hippocampus denise*	SIN
Thomas (1996)	*Melithaea* sp.	Arthropoda	*Maxillipius commensalis*	PNGM
Thomas (1996)	*Echinogorgia* sp.	Arthropoda	*Maxillipius commensalis*	PNGM
Thomas (1996)	*Villogorgia* sp.	Arthropoda	*Maxillipius commensalis*	PNGM
Thomas (1996)	*Verrucella* sp.	Arthropoda	*Maxillipius commensalis*	PNGM
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Amphilochus* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Mollusca	*Astyris lunata*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Caprella equilibra*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Caprella penantis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Carpias bermudensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Carpias bermudensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Carpias bermudensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Colomastix* sp. B	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Deutella incerta*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Deutella incerta*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Deutella incerta*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Annelida	*Dipolydora coeca*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Annelida	*Dipolydora coeca*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Elasmopus* sp. A	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Elasmopus* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Erichthonius brasiliensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Erichthonius brasiliensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Erichthonius brasiliensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Erichthonius* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Annelida	*Exogone dispar*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Gammaropsis* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Lembos websteri*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Leptochelia* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Leptochelia* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Leptochelia* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Leucothoe spinicarpa*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	Melphidippidae	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Microjassa* sp. A	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Microjassa* sp. A	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Mollusca	*Musculus lateralis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Nemertea	Nemertea	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Nemertea	Nemertea	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Neopontonides beaufortensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Neopontonides beaufortensis*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Mollusca	Nudibranchia	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Echinodermata	*Ophiothrix (Ophiothrix) angulata*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Paracerceis caudata*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Paracerceis caudata*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Photis pugnator*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Photis pugnator*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Photis pugnator*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Pilumnus* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Podocerus* sp. A	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Podocerus* sp. A	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Polycheria* sp.	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Mollusca	*Pteria colymbus*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Annelida	*Rhynchospio glutaea*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia virgulata*	Arthropoda	*Stenothoe georgiana*	SCG
Wend et al. (1985)	*Leptogorgia hebes*	Arthropoda	*Stenothoe georgiana*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Arthropoda	*Stenothoe georgiana*	SCG
Wend et al. (1985)	*Titanideum frauenfeldii*	Annelida	*Syllis gracilis*	SCG
Wicksten y Cox (2011)	*Leptogorgia* sp.	Arthropoda	*Conopea galeata*	GMMB
Wicksten y Cox (2011)	*Leptogorgia* sp.	Mollusca	*Cymbovula acicularis*	GMMB
Wicksten y Cox (2011)	*Leptogorgia* sp.	Mollusca	*Cyphoma mcgintyi*	GMMB
Wicksten y Cox (2011)	*Leptogorgia* sp.	Arthropoda	*Neopontonides chacei*	GMMB
Wicksten y Cox (2011)	*Leptogorgia* sp.	Arthropoda	*Periclimenes iridescens*	GMMB
Wicksten y Cox (2011)	*Leptogorgia* sp.	Mollusca	*Pteria colymbus*	GMMB
Wicksten y Cox (2011)	*Leptogorgia* sp.	Arthropoda	*Tozeuma serratum*	GMMB

Anexo B: Protocolo DE Extracción DE ADN KIT Wizard® SV Genomic DNA Purification System

LABORATORIO DE GENÓMICA y BIOINFORMÁTICA DE LA BIODIVERSIDAD

PROTOCOLO DE EXTRACCIÓN DE ADN DE TEJIDO ANIMAL

KIT: Wizard® SV Genomic DNA Purification System

PREPARACIÓN DE LA MUESTRA

- Encima de un pedazo de papel aluminio, corte una muestra de tejido de longitud aproximadamente de 3 mm. En un pedazo de papel toalla limpio, coloque la muestra para que absorba el etanol en el que estuvo preservada. Triture la muestra de tejido en trozos bien pequeños y colóquelos en un tubo de $1{,}5\ \mu L$.
- Si trabaja con una sola muestra añada al tubo los volúmenes de los reactivos indicados en la tabla. Si trabaja con varias muestras, multiplique el volumen de cada reactivo indicado en la tabla por el número de muestras más uno ($N+1$, donde $N =$ número de muestras), y añada el volumen total en un tubo. A esa mezcla la llamaremos solución de digestión. El volumen de solución de digestión para cada muestra será de $275\ uL$.

Digestion Solution Master Mix	**Volumen por Sample**
Nuclei Lysis Solution	$200\ \mu L$
$0{,}5$ M EDTA (pH $8{,}0$)	$50\ \mu L$
Proteinase K, $200\ mg/mL$	$420\ \mu L$
RNase A Solution, $4\ mg/mL$	$5\ \mu L$
Total Volumen	$275\ \mu L$

- Incube los tubos de muestra durante 01 a 3 horas a 55℃ en el termo-mixer, manteniendo una revolución de 200 rpm. Verifique cada 15 minutos el tubo con la muestra y asegúrese de que el tejido está siendo lisado, de lo contrario homogenizar el volumen gentilmente con los dedos y vuelva a colocarlo en el termo-mixer.

  **Durante este tiempo asegúrese de que haya sido añadido etanol al 95% a la solución buffer de lavado o Column Wash Solution (CWA). El frasco debe tener una marca en la etiqueta y en la tapa indicando que ya contiene alcohol. Si trabaja con un frasco de CWA nuevo, agregue 315ml de etanol molecular al 95%. Para esto, diluya etanol absoluto hasta llegar a esta concentración, fíjese bien en la concentración exacta a la que se encuentra el etanol absoluto a ser utilizado.*

- Luego que termine la incubación y el tejido haya sido completamente lisado, añada 250 μL de tampón de lisis Wizard® SV a cada muestra. Luego vortexe vigorosamente.

PURIFICACIÓN DE ADN GENÓMICO DEL LISADO UTILIZANDO UNA MICROCENTRÍFUGA

- Ensamble las minicolumnas dentro su respectivo tubo colector. Una por cada muestra. Transfiera cada lisado de muestra del tubo de 1,5 ml dentro de la minicolumna respectiva. El volumen total debe ser aproximadamente 525 μL.
- Centrifugue el ensamblaje a 13.000 × g durante 3 minutos.
- Retirar la minicolumna del ensamblaje y desechar el líquido que fue depositado en el tubo colector por inversión. Luego vuelva a colocar la minicolumna dentro del mismo tubo colector evitando que el borde de la columna haga contacto con el tubo colector.
- Agregue 650 μL de solución de lavado de columna (CWA, verificar que fue agregado etanol al 95% al frasco) a cada ensamblaje. Centrifugar a 13.000 × g durante 1 minuto. Descartar el líquido del tubo colector. Repita este paso para un total de 4 lavados.
- Deseche el líquido del tubo colector y vuelva a ensamblar la minicolumna. Centrifugar durante 2 minutos a 13.000 × g para secar la matriz de unión.
- Transfiera la minicolumna a un nuevo tubo de 1.5 ml (lo llamaremos tubo de elución). Agregue 100 μl de agua libre de nucleasas. Incubar durante 4 minutos a temperatura ambiente.
- Centrifugue el conjunto de minicolumna con el tubo de elución a 13.000 × g durante 1 minuto. No deseche el líquido en el tubo de elución. Reserve también la columna en un nuevo tubo de 1.5 μL.
- El líquido del tubo de elución contiene el ADN purificado. Cuantifique el ADN en el Nanodrop (verificar el protocolo). Anote sus resultados. En caso la concentración obtenida sea muy baja, utilizando la minicolumna reservada y un nuevo tubo de elución, vuelva a adicionar 100 μL de agua libre de nucleasas. Incubar durante 4 minutos a temperatura ambiente. Centrifugue el conjunto de minicolumna con el tubo de elución a 13.000 × g durante 1 minuto. Cuantifique el líquido en el tubo de elución y anote sus resultados.
- Descarte la minicolumna, etiquete el tubo y almacene el ADN purificado entre -20 y -70 ° C.

Anexo C: Protocolo de extracción de ADN con solución salina

LABORATORIO DE GENÓMICA y BIOINFORMÁTICA DE LA BIODIVERSIDAD

PROTOCOLO DE EXTRACCIÓN DE ADN CON SOLUCIÓN SALINA

- Adicionar 290 μL de solución salina (solución tampón de lisis) (0.4 M NaCl 10 mM Tris?HCl pH 8.0 y 2 mM EDTA pH 8.0) y 10 ul de proteinasa K (20mg/ml) a cada muestra de tejido.
- Incubar el tubo a 56℃ hasta que el tejido esté completamente lisado. Vortexar vigorosamente de 15 en 15 minutos para ayudar a romper el tejido.
- Adicionar 100 μL de NaCl 5M. Homogenizar la mezcla gentilmente invirtiendo el tubo por lo menos 20 veces.
- Centrifugar a 10 000 RPM por 10 minutos a temperatura ambiente.
- Pasar el sobrenadante a un nuevo tubo (nominar nuevamente el nuevo tubo usando lápiz). Descartar el tubo con el precipitado, tener cuidado de no traspasar el precipitado (descartarlo).
- En el nuevo tubo que contiene el sobrenadante recolectado, adicionar 600 μL de etanol absoluto (100%) helado.
- Colocar la solución obtenida en el “freezer” (-20℃) por 2 horas. Se puede mantener la muestra en este paso hasta el día siguiente de ser necesario, pero no es recomendable.
- Centrifugar por 30 minutos a 14 000 RPM, a 4℃. y descartar el etanol por inversión.
- Adicionar 1 ml de etanol a 70% helado (preparado con agua estéril y mantenido en la refrigeradora).
- Centrifugar por 5 minutos a 14 000 RPM.
- Descartar etanol por inversión. Centrifugar nuevamente por 1 minuto a 14 000 RPM para descartar todo el etanol.
- Con ayuda de la pipeta colectar el resto de etanol que pudo quedarse en el tubo, teniendo cuidado de no tocar la punta con el fondo del tubo, pues podría jalar el pellet que contiene el ADN.
- Secar el ADN a 60° por 15 minutos con el tubo abierto y tapado con un papel servilleta nuevo. Se puede mantener la muestra en este paso hasta el día siguiente de ser necesario, pero no a 60 grados sino a temperatura ambiente con el tubo invertido; sin embargo, tampoco es recomendable dejar tantas horas.
- Adicionar 50 μL de TE o agua estéril y conservar el ADN a -20℃ hasta su procesamiento.

Anexo D: Protocolo de extracción de ADN (HOT-SHOT)

LABORATORIO DE GENÓMICA y BIOINFORMÁTICA DE LA BIODIVERSIDAD

PROTOCOLO DE EXTRACCIÓN DE ADN (HOT-SHOT)

- Preparar alícuota de 50 μL de tampón lisis alcalina (NaOH 25nM, disodium EDTA 0.2mM, pH 8) en 0.2 mL de tubos individuales.
  - Pesar 0.4gr de NaOH y aforar con agua al 100 mL.
  - Pesar 0.47gr de EDTA y añadir 25 mL de agua, ajustar pH a 8.
  - Mezclar 25 mL de NaOH y 0.4 mL de EDTA, añadir 74.6 mL de agua (para aforar a 100 mL).
- Transferir el tejido a tubos con pipeta, usando la mínima cantidad de líquido (donde se conserva el tejido).
- Usar una punta de pipeta esterilizada y aplastar el tejido por un lado del tubo.
- Incubar por 30 minutos a 95℃, y luego congelar por 3-4 minutos.
- Añadir 50 uL neutralizando con solución (Tris-HCL 40nM, pH 5.0).
  - Pesar 640 gr de Tris-HCL Y aforar a 100 mL de agua.
- Agregar los tubos al vortex para mezclar y girar.
- Use 2 μL para el PCR o congelar a -20℃ para almacenamiento a largo plazo.

Anexo E: Concentraciones de reactivos de PCR por muestra

Especie	Primer	PCR buffer []	Primer F []	Primer R []	$MgCl_2$ []	Taq []	Trehalosa []	Vol. ADN	Vol. total	Polimerasa
Synalpheus spinifrons	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	4 μL	15 μL	KAPA Taq
Stenorhynchus debilis	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.25 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Teleophrys sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	0.5 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Teleophrys sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	0.5 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Teleophrys sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	0.5 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Teleophrys sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	0.5 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Teleophrys sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Teleophrys sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Teleophrys sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Acanthonyx sp.	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.0 mM	1 U/μL	5%	4 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Pilumnus sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.0 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Conopea sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	0.5 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Conopea sp.	ZplankF1_1 – ZplankR1_t1	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	0.5 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Conopea sp.	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	0.5 U/μL	–	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Conopea sp.	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.5 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Conopea sp.	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	KAPA Taq
Archeobalaninae	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.0 mM	1 U/μL	–	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Archeobalaninae	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.5 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Stenothoe cf. *georgiana*	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	4 μL	15 μL	KAPA Taq
Stenothoe cf. *georgiana*	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	4 μL	15 μL	KAPA Taq
Stenothoe cf. georgiana	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	4 μL	15 μL	KAPA Taq
Stenothoe cf. *georgiana*	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.0 mM	1 U/μL	–	4 μL	15 μL	KAPA Taq
Stenothoe cf. *georgiana*	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	0.5 mM	1 U/μL	–	4 μL	15 μL	KAPA Taq
Stenothoe cf. *georgiana*	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.0 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Caprella scaura s.l.	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.5 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra
Caprella scaura s.l.	LCO1490 – HCO2180	1X	0.25 mM	0.25 mM	1.5 mM	1 U/μL	5%	2 μL	15 μL	PCRBIO Ultra

Anexo F: Purificación de productos de PCR

LABORATORIO DE GENÓMICA y BIOINFORMÁTICA DE LA BIODIVERSIDAD

PURIFICACIÓN DE PRODUCTO DE PCR

- **Preparación**
  - Azure = 20 mg de azure en 1 ml H_2O milliQ.
  - PEG-NaCl (20% PEG 8000 - 2.5 mM NaCl)
    - 10 g PEG
    - 25 ml NaCl 5M (o 7.3 gr de NaCl)
    - Completar con H2O hasta 50 ml
    - Autoclavar y guardar a 4℃
- **Purificación**
  1. Preparar un mix con 1.5 μL de glicógeno azure por cada 30 μL de PEG.
  2. Adicionar igual volumen de muestra y solución PEG (Homogeneizar).
  3. Incubar a baño seco 37℃ por 20 minutos.
  4. Centrifugar a 13000 rpm por 15 minutos.
  5. Descartar el sobrenadaten con una pipeta.
  6. Adicionar levemente 125 μL de etanol 80% helado.
  7. Centrifugar a 13000 rpm por 4 minutos.
  8. Repetir los pasos 5,6 y 7 (En el paso 7 centrifugar por 10 minutos).
  9. Secar en estufa a 37℃ alrededor de 40 minutos (o hasta que se el pelet se encuentre seco).
  10. Resuspender en igual volumen de agua o buffer que el inicial.

Anexo G: Información general de los “voucher” en la plataforma BoldSystem.

R0373



Gerardo Chipana

CreativeCommons Attri
ShareAlike (2022)
Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Barcode Index Numbers

BIN:	BOLD:AEG5562
Type:	Member
Max Divergence in BIN:	1.77% (p-dist)
Distance to NN:	7.69% (p-dist)

Specimen Details

Sample ID:	R0373	**Voucher Status:**	
Process ID:	INMAR005-21	**Tissue Descriptor:**	pereiopods
Project:	INMAR	**Sex:**	F
Institution Storing:	Universidad Nacional Mayor de San Marcos	**Reproduction:**	S
		Life Stage:	
		Extra Info:	
Field ID:	E4-01	**Associated Taxa:**	
Museum ID:		**Associated Specimens:**	
Collection Code:			
Reference Link:			
Note:			

Collection Data

Country:	Peru	**Collector:**	Junior Miranda Romero
Province/State:	Piura		
Region/County:	Paita	**Date Collected:**	11-Sep-2020
Sector:		**Date Accuracy:**	+/- 1 day(s)
Exact Site:	Isla Foca; in front of the fishermen s small cove of La Isllla.	**Time Collected:**	
		Site Code:	
		Habitat:	Associated with colonies of gorgonid corals
Lat/Lon:	-5.21432, -81.206	**Sampling Protocol:**	
		Coord. Source:	
Elevation:		**Coord. Accuracy**	
Elevation Accuracy:			
Depth:	15 m		
Depth Accuracy:			
Collection Event ID:			
Collection Notes:			



Anexo H: “Primers”, cromatogramas y secuencias consenso del código de barras de ADN

Specimen Details Current

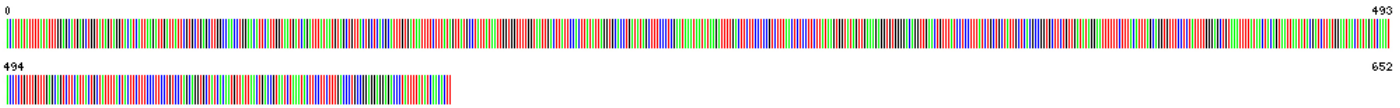
Sample ID:	R-0375
Process ID:	INMAR009-21
Project:	INMAR
Tax Names:	Arthropoda, Malacostraca, Decapoda, Mithracidae, Microphrys
Taxon:	Microphrys
Rank Name:	genus
Sampling Protocol:	N/A
BIN URI:	BOLD:AEG5562
Kingdom:	Animalia

Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
COI-5P	653	35.5%	0%	0

COI-5P

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

ACATTATATTTTATATTTGGAGCATGAGCTGGTATAGTAGGTACATCATTAAGATTGATTATTCGTGCTGAGCTTGGCCAACCTGGAACATTCATTGGTAATGATCAGATTTATAATGTAGCTGTTACTGCTCACGC
ATTTGTGATAATTTTCTTTATAGTTATGCCTATTATAATTGGTGGTTTTGGTAATTGACTTATTCCACTTATATTAGGTGCACCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAATATAAGATTTTGACTTCTTCCTCCGT
CTTTAACTCTCCTTCTTATAAGTGGTATAGTTGAAAGAGGTGTGGGGACAGGTTGAACTGTTTATCCTCCTTTATCTGCTGCTATTGCTCACGCCGGTGCTTCTGTTGATATAGGAATTTTTTCTTTACATTTAGCA
GGTGTTTCCTCTATTTTGGGAGCTGTAAATTTTATAACTACAGTAATTAATATACGATCTTATGGAATAACTATAGATCAAATACCTCTGTTTGTTTGAGCAGTCTTCATTACTGCTATTTTACTACTTCTTTCCCT
TCCTGTCCTAGCAGGTGCTATCACAATGTTATTAACTGACCGTAATCTAAATACTTCCTTCTTTGACCCTGCCGGAGGAGGAGACCCTATTTTATATCAACACTT

Amino Acid Sequence

TLYFMFGAWAGMVGTSLSLIIRAELGQPGTFIGNDQIYNVAVTAHAFVMIFFMVMPIMIGGFGNWLIPLMLGAPDMAFPRMNNMSFWLLPPSLTLLLMSGMVESGVGTGWTVYPPLSAAIAHAGASVDMGIFSLHLA
GVSSILGAVNFMTTVINMRSYGMTMDQMPLFVWAVFITAILLLLSLPVLAGAITMLLTDRNLNTSFFDPAGGGDPILYQHX

Sequence Metadata

Genbank Accession:	N/A
Translation Matrix:	Invertebrate Mitochondrial
Last Updated:	2021-06-14 15:39:23.571557
Sequence Runsite:	Macrogen, Korea

Modify Sequence:

Clear Sequence | Edit Sequence

Anexo I: Registro de información general en el proyecto INMAR

Select	Identification	Specimen Page	Sequence Page	Extra Info	BIN	Record Flags Legend							Bases [Ambig]	Tags
													COI-5P	
☐	Allopetrolisthes angulosus	R-0424	INMAR001-21		BOLD:ABV8835		0	2					658[0n]	
☐	Pachycheles velerae	R-0498	INMAR002-21		BOLD:AEN7959		0	2					615[0n]	
☐	Petrolisthes desmarestii	R-0468	INMAR003-21		BOLD:AEF9813		0	2					658[0n]	
☐	Petrolisthes desmarestii	R-0511	INMAR004-21				0	2					555[0n]	
☐	Microphrys	R0373	INMAR005-21		BOLD:AEG5562		0	0					642[0n]	
☐	Conopea	R-0376	INMAR006-21		BOLD:AEJ6633		0	0					654[0n]	
☐	Conopea	R-0377	INMAR007-21		BOLD:AEJ6633		0	0					653[0n]	
☐	Pilumnidae	R-0386	INMAR008-21		BOLD:AEC0886		0	0					657[0n]	
☐	Microphrys	R-0375	INMAR009-21		BOLD:AEG5562		0	0					653[0n]	
☐	Microphrys	R-0379	INMAR010-21		BOLD:AEK2682		0	0					580[0n]	

Anexo J: Características de las colonias de gorgonias del genero *Leptogorgia*

Esp	Color	Ram	MP	TED	ColEsc	BicolEsc	TMActSpin	0.1 <Spin	TMcaps	Crosses	TColAntRod	AntRods = 0.1 mm	BenScle
06-000380	Rosado claro	Bushy-Irregular branching	Flat	Capstan	Inc	Inc	0.17x0.04	Sí	0.10x0.04	Sí	0.10x0.2	Sí	No
06-000376	Fucsia claro	Bushy-Irregular branching	Flat	Capstan	Inc	Inc	0.16x0.05	Sí	0.08x0.04	Sí	0.03x0.01	No	No
06-000375	Rosado claro	Bushy-Irregular branching	Flat	Capstan / Spindles	Inc	Inc	0.15x0.04	Sí	0.07x0.04	Sí	0.08x0.02	No	No
06-000387	Fucsia claro	Bushy-Irregular branching	Flat	Capstan	Inc	Inc	0.14x0.05	Sí	0.08x0.04	Sí	0.09x0.02	No	No
06-000379	Incoloro	Bushy-Irregular branching	Flat	Capstan	Inc	Inc	0.15x0.05	Sí	0.08x0.05	Sí	0.09x0.02	No	No
06-000381	Incoloro	Bushy-Irregular branching	Flat	Capstan	Inc	Inc	0.14x0.05	Sí	0.09x0.05	Sí	No registro	No	No

Significado de las siglas Esp = Espécimen. Color = Color de la colonia de gorgonia. Ram = Ramificación. MP = Montículo de pólipos. TED = Montículo de pólipos. ColEsc = Color Esclerito. BicolEsc = Esclerito Bicolor. TMActSpin = Tamaño máximo “Acute Spindle”. Spin>0.1 = “Spindles”>0.1 mm. TMCaps = Máximo tamaño “Capstan”. “Crosses”= Escleritos en cruz. Tamaño y color de “anthocodial rod”= TColAntRod. Anth.rods=0.1m= AntRods=0.1. “Bent sclerites”= BenScle. Inc = Color incoloro.

*Las palabras entre comillas hace referencia a los tipos de escleritos y los valores númericos estan expresados en milímetros.

Anexo K: Características comparativas de las colonias del género *Psammogorgia*

Org	Colony colour	Shape and Branching pattern	Maximum branching	# Length of terminal branchlets	Diameter of branchlets	Branch anastomosis	Calix of branchlets	Presence of swollen calyx rims	Calyx arrangement at branchlets
06-000386	Rojizo oscuro	Bushy-Irregularly dichotomous	02	11–35	4–4.3	ABSENT	Flat - slightly raised?	MD	CLOSE
06-000385	Rojizo oscuro	Bushy-Irregularly dichotomous	MD	12–61	3.9–4	ABSENT	FLAT	NO	SPARSE
06-000385	Rojizo oscuro	Bushy-Irregularly dichotomous	MD	25–55	3.5–4.1	ABSENT	Flat - slightly raised?	MD	MD
06-000385	Rojizo oscuro	Irregular dichotomous	MD	15–43	3.5–4.1	ABSENT	Flat - slightly raised?	MD	SPARSE
06-000385	Rojizo oscuro	Bushy-Irregularly dichotomous	MD	28–51	3–4.1	ABSENT	MD	MD	MD

Todos la información del cuadro esta redactado en el idioma inglés.

Los simbolos MD hacen referencia a datos faltantes que aún no se conoce con certeza a que atributo pertenece el caracter.

Las palabras entre los símbolos de interrogación hacen referencia a la duda y los valores númericos estan expresados en milímetros.

Anexo L: Características comparativas de los escleritos de las colonias de gorgonias del género *Psammogorgia*

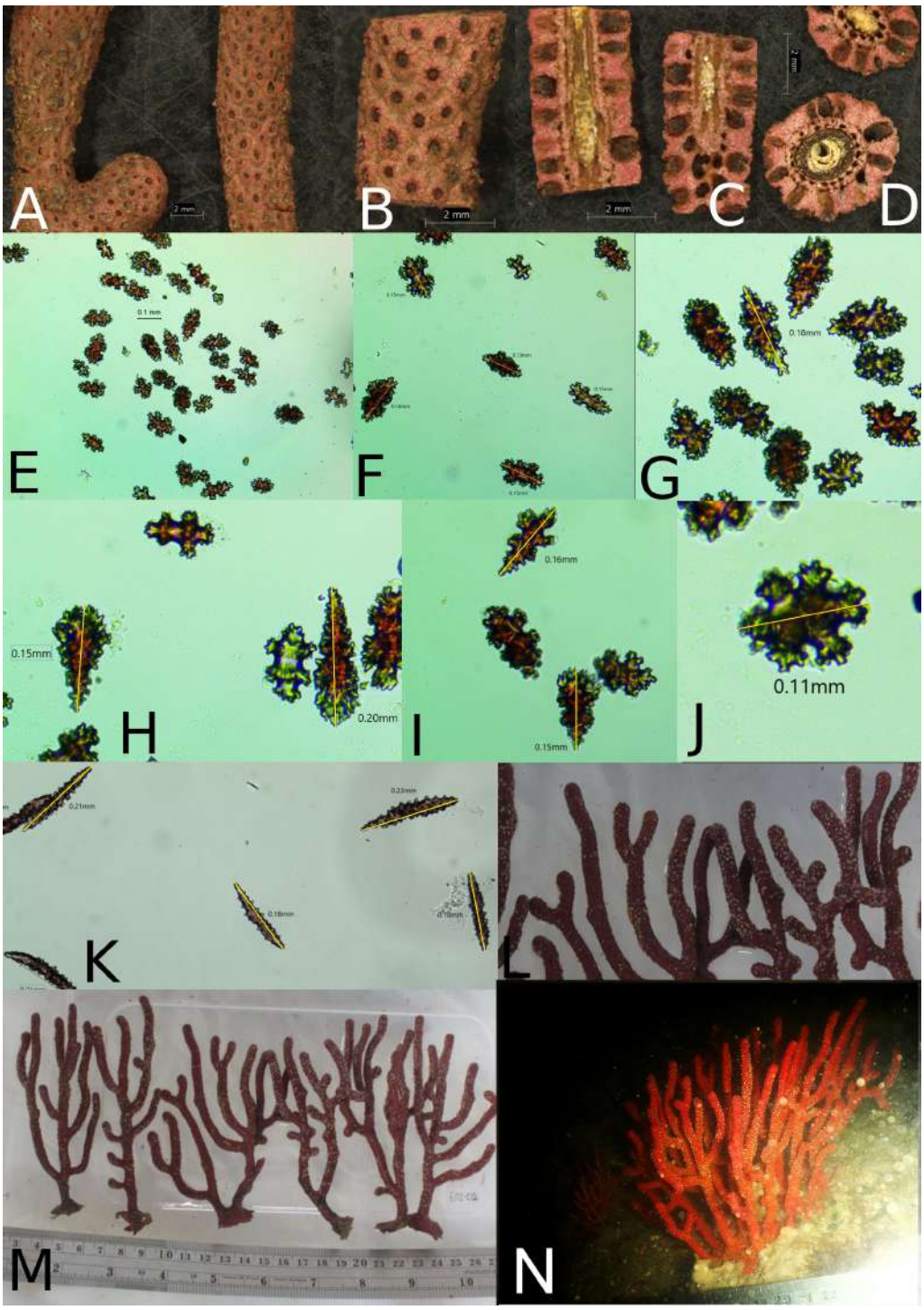
Organismo	Spindle length	Wart club length	Radiates length	Anthocodials length	Color de escleritos del coenenquima	Color de escleritos anthocodiales
06-000385	0.12 – 0.18	0.15–0.20	0.08–0.11	0.15–0.23	Violetas oscuros	Rojizos oscuros
06-000385	0.12 – 0.19	0.12–0.17	NOT FOUND	0.12–0.25	Violetas oscuros	Rojizos oscuros
06-000385	0.15 – ¿0.20 – 0.23?	¿0.14 o 0.12? – 0.19	0.13–0.15	0.15–0.28	Violetas oscuros	Violetas oscuros
06-000383	0.13 – 0.15	0.12–0.15	0.10–0.13	0.10–0.24	Violetas oscuros	Violetas oscuros
06-000383	0.10 – 0.18	0.13–0.17	0.09–0.14	ND	Violetas oscuros	Violetas oscuros

Todos la información de la medida de los escleritos esta redactado en el idioma inglés

Los valores entre los signos de interrogación hacen referencia a dos posibles valores como el límite máximo o mínimo de los tipos de escleritos descritos.

Los valores númericos estan expresados en milímetros.

Anexo M: *Psammogorgia* cf. *teres* (06-000386)



A. Disposición de pólipos. B. Disposición de pólipos. C. Vista transversal interna. D. Vista longitudinal interna. E. Escleritos del cenénquima. F. Escleritos “spindle”. G. Escleritos “spindle”. H. Escleritos “Wart club”. I. Escleritos “Wart club”. J. Escleritos “Radiate” K. Escleritos Antocodiales. L. Colonia recién extraída. M. Colonia recién extraída. N. Colonia en su ambiente natural.

Anexo N: Resúmen de registros genéticos procesados

Process ID	**GenBank Accession**	**Species Name**	**Country**	Artículo	Electroferograma
CMBIA627-12		*Stenothoe frecanda*	United States	No	Sí
BNSA035-12	KT209198	*Stenothoe marina*	North Sea	Raupach et al. (2015)	Sí
BNSA034-12	KT208537	*Stenothoe marina*	North Sea	Raupach et al. (2015)	Sí
AMPNB287-15		*Stenothoe marina*	Norway	No	Sí
AMPNB288-15		*Stenothoe marina*	Norway	No	Sí
AMPNB286-15		*Stenothoe marina*	Norway	No	Sí
CAISN1084-13		*Stenothoe minuta*	Canada	No	Sí
CAISN1081-13		*Stenothoe minuta*	Canada	No	Sí
BNSA286-14	KT209192	*Stenothoe monoculoides*	North Sea	Raupach et al. (2015)	Sí
BNSA291-14	KT208458	*Stenothoe monoculoides*	North Sea	Raupach et al. (2015)	Sí
BNSA292-14	KT208446	*Stenothoe monoculoides*	North Sea	Raupach et al. (2015)	Sí
BNSA146-12	KT209271	*Stenothoe monoculoides*	North Sea	Raupach et al. (2015)	Sí
HABFA2052-22		*Stenothoe monoculoides*	Norway	No	Sí
HABFA1039-20		*Stenothoe monoculoides*	Norway	No	Sí
HABFA1085-20		*Stenothoe valida*	Norway	No	Sí
HABFA1122-20		*Stenothoe valida*	Norway	No	Sí
HABFA1084-20		*Stenothoe valida*	Norway	No	Sí
BMAR096-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR097-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR098-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR106-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR107-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR112-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR120-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR130-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR134-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR135-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR136-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR137-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR144-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí

Process ID	**GenBank Accession**	**Species Name**	**Country**	Artículo	Electroferograma
BMAR156-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR162-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
BMAR183-17		*Teleophrys cristulipes*	Costa Rica	No	Sí
NaN	KF452957.1	*Teleophrys cristulipes*	Panama	Windson y Felder (2014)	No
NaN	KF452951.1	*Teleophrys ruber*	Caribbean Belize	Windson y Felder (2014)	No
NaN	KF452948.1	*Teleophrys ruber*	Caribbean Belize	Windson y Felder (2014)	No
NaN	KF452931.1	*Teleophrys ornatus*	Caribbean Belize	Windson y Felder (2014)	No
GBMNE18910-21	OK412999	*Caprella scauroides*	China	Liu et al. (2020)	No
GBCM1899-14	KF743386	*Caprella scauroides*	China	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1900-14	KF743387	*Caprella scauroides*	China	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1901-14	KF743388	*Caprella scauroides*	China	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1902-14	KF743389	*Caprella scauroides*	China	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1903-14	KF743390	*Caprella scauroides*	China	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1904-14	KF743391	*Caprella scauroides*	China	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1905-14	KF743392	*Caprella scauroides*	China	Cabezas et al. (2014)	No
GBMNB51440-20	MK190684	*Caprella scauroides*	New Zealand	Peart et al. (2019)	No
GBMNB51441-20	MK190682	*Caprella scauroides*	New Zealand	Peart et al. (2019)	No
GBMNE18903-21	OK412992	*Caprella scauroides*	China	Liu et al. (2020)	No
GBMNE18909-21	OK412998	*Caprella scauroides*	China	Liu et al. (2020)	No
GBMNE18911-21	OK413000	*Caprella scauroides*	China	Liu et al. (2020)	No
GBMNE18912-21	OK413001	*Caprella scauroides*	China	Liu et al. (2020)	No
GBMNE18913-21	OK413002	*Caprella scauroides*	China	Liu et al. (2020)	No
GBCM1881-14	KF743397	*Caprella californica*	Chile	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1886-14	KF743402	*Caprella californica*	Chile	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1888-14	KF743404	*Caprella californica*	Chile	Cabezas et al. (2014)	No
BHAK2611-20		*Caprella californica*	Canada	NO	SÍ
BHAK3115-20		*Caprella californica*	Canada	NO	SÍ
GBCM1810-14	KF743420	*Caprella californica*	Australia	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1811-14	KF743421	*Caprella californica*	Australia	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1812-14	KF743422	*Caprella californica*	Australia	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1813-14	KF743423	*Caprella californica*	Australia	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1877-14	KF743393	*Caprella californica*	Chile	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1878-14	KF743394	*Caprella californica*	Chile	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1880-14	KF743396	*Caprella californica*	Chile	Cabezas et al. (2014)	No

Process ID	**GenBank Accession**	**Species Name**	**Country**	Artículo	Electroferograma
GBCM1885-14	KF743401	*Caprella californica*	Chile	Cabezas et al.(2014)	No
GBCM2449-14	KF743407	*Caprella californica*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2451-14	KF743409	*Caprella californica*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2452-14	KF743410	*Caprella californica*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2453-14	KF743411	*Caprella californica*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2459-14	KF743417	*Caprella californica*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2461-14	KF743419	*Caprella californica*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCMA4969-13	JX545461	*Caprella californica*	United States	Best y Stachowicz (2013)	No
GBCMA4970-13	JX545460	*Caprella californica*	United States	Best y Stachowicz (2013)	No
GBCM1922-14	KF743357	*Caprella scaura*	Italy	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1988-14	KF743149	*Caprella scaura*	Portugal	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2001-14	KF743162	*Caprella scaura*	Portugal	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2005-14	KF743166	*Caprella scaura*	Portugal	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2273-14	KF743267	*Caprella scaura*	Spain	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2280-14	KF743274	*Caprella scaura*	Spain	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2298-14	KF743376	*Caprella scaura*	Spain	Cabezas et al. (2014)	No
GBMND59767-21	MW551079	*Caprella scaura*	Brazil	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMND59768-21	MW551080	*Caprella scaura*	Brazil	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMND59769-21	MW551068	*Caprella scaura*	Brazil	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMND59795-21	MW551044	*Caprella scaura*	Italy	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMND59812-21	MW551020	*Caprella scaura*	France	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMND59816-21	MW551024	*Caprella scaura*	France	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMND60110-21	MW551047	*Caprella scaura*	Netherlands	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMND60115-21	MW551052	*Caprella scaura*	Netherlands	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMNE18895-21	MZ573399	*Caprella scaura*	United Kingdom	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBMNE18897-21	MZ573401	*Caprella scaura*	United Kingdom	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
DTNHM5718-23	-	*Caprella scaura*	United Kingdom	-	Sí
GBCM1833-14	KF743323	*Caprella scaura*	Australia	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1838-14	KF743328	*Caprella scaura*	Australia	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1947-14	KF743368	*Caprella scaura*	Mauritius	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1949-14	KF743370	*Caprella scaura*	Mauritius	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2468-14	KF743344	*Caprella scaura*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBMND60113-21	MW551050	*Caprella scaura*	Netherlands	Martínez-Laiz et al. (2021)	No
GBCM1830-14	KF743320	*Caprella scaura*	Australia	Cabezas et al. (2014)	No

Process ID	**GenBank Accession**	**Species Name**	**Country**	Artículo	Electroferograma
GBCM1914-14	KF743312	*Caprella scaura*	Greece	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1918-14	KF743353	*Caprella scaura*	Italy	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2473-14	KF743349	*Caprella scaura*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1950-14	KF743371	*Caprella scaura*	Mauritius	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM2465-14	KF743341	*Caprella scaura*	United States	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1912-14	KF743310	*Caprella scaura*	Greece	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1913-14	KF743311	*Caprella scaura*	Greece	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1970-14	KF743287	*Caprella scaura*	Morocco	Cabezas et al. (2014)	No
GBCM1981-14	KF743298	*Caprella scaura*	Morocco	Cabezas et al. (2014)	No
GBMNA12473-19	AB539699	*Caprella scaura*	Japan	Ito et al. (2010)	No
GBCM1975-14	KF743292	*Caprella scaura*	Morocco	Cabezas et al. (2014)	No
PIMI065-23	-	*Chirona hameri*	Canada	No	Sí
PIMI072-23	-	*Chirona hameri*	Canada	No	Sí
OGLA3150-13	-	*Conopea cf. cymbiformis*	Australia	No	Sí
OGLA3149-13	-	*Conopea cf. cymbiformis*	Australia	No	Sí
OGLA3153-13	-	*Conopea cymbiformis*	Australia	No	Sí
OGLA3148-13	-	*Conopea cymbiformis*	Australia	No	Sí
GBMNC68206-20	MN690056	*Striatobalanus amaryllis*	Singapore	Ip et al. (2019)	No
GBMNC68207-20	MN690055	*Striatobalanus amaryllis*	Singapore	Ip et al. (2019)	No
BHAK855-18	-	*Solidobalanus engbergi*	Canada	No	Sí
BHAK874-18	-	*Solidobalanus engbergi*	Canada	No	Sí
OGLA3154-13	-	*Conopea* sp. 1	Australia	No	Sí
OGLA3155-13	-	*Conopea* sp. 1	Australia	No	Sí
-	MT089933	*Conopea* sp. 2	SCN	Dennis et al. (2020)	No
-	MT089932	*Conopea* sp. 2	SCN	Dennis et al. (2020)	No
-	MT089931	*Conopea* sp. 2	SCN	Dennis et al. (2020)	No
-	HG970517	*Conopea* sp. 3	Panama	Malay & Michonneau (2014)	No
GBCX812-12	HQ290133	*Conopea* cf. *galeata* Brasil	Brazil	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX823-12	HQ290144	*Conopea* cf. *galeata* Galapagos	Ecuador	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX824-12	HQ290145	*Conopea* cf. *galeata* Galapagos	Ecuador	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX809-12	HQ290130	*Conopea* cf. *galeata* Panama	Panama	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX810-12	HQ290131	*Conopea* cf. *galeata* Panama	Panama	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX811-12	HQ290132	*Conopea* cf. *galeata* Panama	Panama	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX819-12	HQ290140	*Conopea fidelis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No

Process ID	**GenBank Accession**	**Species Name**	**Country**	Artículo	Electroferograma
GBA14275-13	KC349915	*Conopea fidelis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14269-13	KC349921	*Conopea fidelis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14267-13	KC349923	*Conopea fidelis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX817-12	HQ290138	*Conopea fidelis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX818-12	HQ290139	*Conopea fidelis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX821-12	HQ290142	*Conopea calceola*	Portugal	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX822-12	HQ290143	*Conopea calceola*	Portugal	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX825-12	HQ290146	*Conopea galeata*	St Catherines Island (Georgia)	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14453-13	JQ966287	*Conopea galeata*	United States	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14452-13	JQ966288	*Conopea galeata*	United States	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14451-13	JQ966289	*Conopea galeata*	United States	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14450-13	JQ966290	*Conopea galeata*	United States	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA12791-13	JN589832	*Conopea galeata*	Atlantic Ocean	Zardus et al. (2014)	No
GBCX813-12	HQ290134	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX815-12	HQ290136	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14268-13	KC349922	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14274-13	KC349916	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14273-13	KC349917	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14272-13	KC349918	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14271-13	KC349919	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14270-13	KC349920	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14265-13	KC349925	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBCX816-12	HQ290137	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14266-13	KC349924	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
GBA14449-13	JQ966291	*Conopea saotomensis*	Sao Tome and Principe	Carrison-Stone et al. (2013)	No
-	PP496557	*Conopea saotomensis*	Guinea Bissau	Moura et al. (2024)	No
-	PP496556	*Conopea saotomensis*	Guinea Bissau	Moura et al. (2024)	No
-	PP496555	*Conopea saotomensis*	Guinea Bissau	Moura et al. (2024)	No
-	KF587352	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587351	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587350	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587349	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587348	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587347	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No

Process ID	**GenBank Accession**	**Species Name**	**Country**	Artículo	Electroferograma
-	KF587346	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587345	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587344	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587343	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587342	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587341	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587340	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587339	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587338	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587337	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587336	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587335	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587334	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587333	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587332	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587331	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587330	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587329	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587328	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587327	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587326	*Conopea willhearsti*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587325	*Conopea sabangensis*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587324	*Conopea sabangensis*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587323	*Conopea sabangensis*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587322	*Conopea sabangensis*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587321	*Conopea minyrostrum*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587320	*Conopea minyrostrum*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587319	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587318	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587317	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587316	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587315	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587314	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587313	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No

Process ID	**GenBank Accession**	**Species Name**	**Country**	Artículo	Electroferograma
-	KF587312	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587311	*Conopea margaretae*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587310	*Conopea exothobasis*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587309	*Conopea exothobasis*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587308	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587307	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587306	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587305	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587304	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587303	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587302	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587301	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587300	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587299	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587298	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587297	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587296	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587295	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587294	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587293	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587292	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587291	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587290	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587289	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587288	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587287	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587286	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No
-	KF587285	*Conopea basicuneata*	Filipinas	Van Syoc et al. (2014)	No