

## Evaluación de la diversidad genética de cíclidos en la península de Yucatán, mediante códigos de barras

Roberto C. Barrientos-Medina<sup>1</sup>, José Alberto Narváez Zapata<sup>2</sup>

Artículo de investigación científica

Recibido: 17/09/2024

Aceptado: 10/02/2025

<https://doi.org/10.69823/avacient.v5n1a2>

**Resumen.-** La península de Yucatán, ubicada en el sureste de México, es una región cárstica con cuerpos de agua con diferentes grados de aislamiento, lo que puede influir en la diferenciación (morfológica y genética), de los organismos que en ellos habitan. En estos ambientes, la familia Cichlidae es una de las más diversas en número de géneros como de especies, por lo que resulta de interés estudiar sus procesos de diversificación a diferentes niveles. En este trabajo se evaluó la diversidad genética de algunas de estas especies, con base en el análisis de secuencias públicas del gen MT-CO1 depositadas en el repositorio BOLD. Tres especies son las de mayor diversidad genética (*Mayaheros urophthalmus*, *Thorichthys helleri* y *T. meeki*) y se identificaron dos haplogrupos de especies que pueden explicarse, en parte, por afinidades tróficas. Se detectó la presencia de la especie exótica *Parachromis managuensis* y se amplía el ámbito de *Vieja fenestrata*. Estos hallazgos contribuyen al conocimiento de la diversidad de los peces en la región, por lo que el uso y análisis de los códigos de barras genéticos deben considerarse como parte de las herramientas de medición de la ictiodiversidad, particularmente en ambientes que favorecen el aislamiento de las poblaciones acuáticas.

**Palabras Clave:** Gen, Biodiversidad, Especie en peligro de extinción.

### ASSESSMENT OF THE GENETIC DIVERSITY OF CICHLIDS IN THE YUCATAN PENINSULA THROUGH BARCODES

**Abstract.-** The Yucatan Peninsula, located in southeastern Mexico, is a karstic region with several types of water bodies with different degrees of isolation, which can influence the differentiation (morphological and genetic) of the organisms that inhabit them. In these environments, the Cichlidae family is one of the most diverse in number of genera and species, therefore is of interest to study their diversification processes at different levels. In this work, the genetic diversity of some of these species was evaluated, based on the analysis of public sequences of the MT-CO1 gene deposited in the BOLD repository. Three species are the most genetically diverse (*Mayaheros urophthalmus*, *Thorichthys helleri* and *T. meeki*) and two species haplogroups were identified that can be explained, in part, by trophic affinities. The presence of the exotic species *Parachromis managuensis* was detected and the range of *Vieja fenestrata* was extended. These findings contribute to the knowledge of fish diversity in the region, so the use and analysis of genetic barcodes should be considered as part of the tools for measuring ichthyodiversity, particularly in environments that favor the isolation of aquatic populations.

**Keywords:** Gen, Biodiversity, Endangered species.

#### Introducción

Los miembros de la familia Cichlidae (Teleostei: Chichliiformes) comprenden a especies conocidas comúnmente como tilapias, mojarra y guapotes, y se han reconocido como un grupo exitoso y diversificado, capaz de adaptarse a diversos ambientes y situaciones (Konings, 1989; Koblmüller et al., 2019; Santos et al., 2023). Están presentes tanto en África como en Asia y América y la familia destaca por su diversidad: tan solo las formas neotropicales (subfamilia Cichlinae) comprenden alrededor de 600 especies (Arbour y López-Fernández, 2016). En México, y en particular en su región sureste, la familia es una de las más representativas, tanto por su número de especies, como por la abundancia de algunas de ellas (Miller et al., 2009; Chumba-Segura y Barrientos-Medina, 2010; Schmitter-Soto et al., 2010).

En el estudio de la variación de la familia, el análisis de la diversidad genética juega un papel importante, porque ayuda a entender con más claridad los patrones de diversidad y diferenciación entre especies (Svardal et al., 2021). A pesar

<sup>1</sup> Profesor de Enseñanza Superior, Titular A. Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Autónoma de Yucatán. Km. 15.5 Carretera Mérida-Xmatkuil, Mérida, Yucatán, 97315. México. Perfil Deseable Prodep Vigente. <https://orcid.org/0000-0003-2144-034X> rcarlos@correo.uady.mx (**Autor correspondiente**).

<sup>2</sup> Profesor-Investigador, Tiempo Completo. 2Instituto Politécnico Nacional - Centro de Biotecnología Genómica. Blvd Del Maestro esq. Elías Piña, Reynosa, Tamaulipas, 88710. México. SIN Nivel 2 Vigente. <https://orcid.org/0000-0003-0577-9546> jnarvaez@ipn.mx.

de lo anterior y de su importancia como fuente de alimento, los estudios de la variación genética de los cíclidos en la península de Yucatán son más bien escasos y restringidos (Razo-Mendivil et al., 2013; Barrientos-Villalobos et al., 2018). Por lo tanto, el presente estudio pretende contribuir al conocimiento de la diversidad genética de los cíclidos en la región, a partir de secuencias de la subunidad I de la citocromo c oxidasa (MT-CO1), que facilita la discriminación entre especies de animales relacionadas (Hebert et al., 2003). Este enfoque ha sido utilizado para estudiar la variabilidad de especies de distintas especies de peces (Ali et al., 2020; Ribolli et al., 2021; Vences et al., 2022) y, en particular, en miembros de la familia Cichlidae en otras latitudes (Hubert et al., 2021; Nascimento et al., 2022; Ximenes et al., 2021). En este caso, se recuperaron y analizaron secuencias genéticas de la familia Cichlidae depositadas en el sistema bioinformático de libre acceso Barcode of Life Data System (BOLD; Ratnasingham y Herbert, 2007), con lo que se generó una base de datos que permitió abordar con más detalle los patrones y procesos de diversificación de estas especies, en una región cárstica con ecosistemas acuáticos de diferentes grados de aislamiento geográfico (cenotes, aguadas, etc.).

#### Materiales y métodos

Se realizó una búsqueda en BOLD el 04 de septiembre de 2021, utilizando Cichlidae como criterio taxonómico y Campeche, Quintana Roo y Yucatán como criterios geográficos de delimitación. Se recuperaron 175 secuencias públicas del gen MT-CO1 así como los metadatos asociados: ubicación geográfica, identidad taxonómica, etc. La lista completa de secuencias y metadatos correspondientes se incluye en el Apéndice.

Se empleó el programa ClustalW para alinear las secuencias recuperadas y se aplicó un ajuste manual para recortar todas las secuencias a una longitud de 418 pares de bases, con el programa MEGA X (Kumar et al., 2018). Se descartó una secuencia que no se ajustó al intervalo mencionado (BACZP659-16) y la identidad taxonómica de las secuencias se corroboró contrastando las fotografías de los ejemplares asociadas a cada registro, contenidas en el acervo de BOLD, con lo indicado en la literatura especializada y pertinente (Miller et al., 2009; Řičan et al., 2016; Barrientos-Villalobos et al., 2018; Morgenstern, 2018).

Se utilizó una curva de acumulación para determinar el grado de cobertura de la diversidad genética (especies y haplotipos), con base en el número acumulado de secuencias. Para este análisis, las secuencias se alinearon con el algoritmo de Modelos de Markov basados en aminoácidos (Amino Acid based HMM, implementado en BOLD) y las distancias se calcularon con el modelo de 2 parámetros de Kimura (Kimura, 1980), que se ha empleado en estudios con enfoques similares en la región (Valdéz-Moreno et al., 2009; Valdez-Moreno et al., 2010). Se emplearon 100 aleatorizaciones, efectuando todos los cálculos en el sistema BOLD (Ratnasingham y Herbert, 2007 y 2013).

Para obtener la diversidad genética, considerando el número de haplotipos, la diversidad haplotídica, la diversidad nucleotídica, el número de sitios variables y el número promedio de diferencias nucleotídicas, se utilizó el programa DnaSP ver. 6 (Rozas et al., 2017).

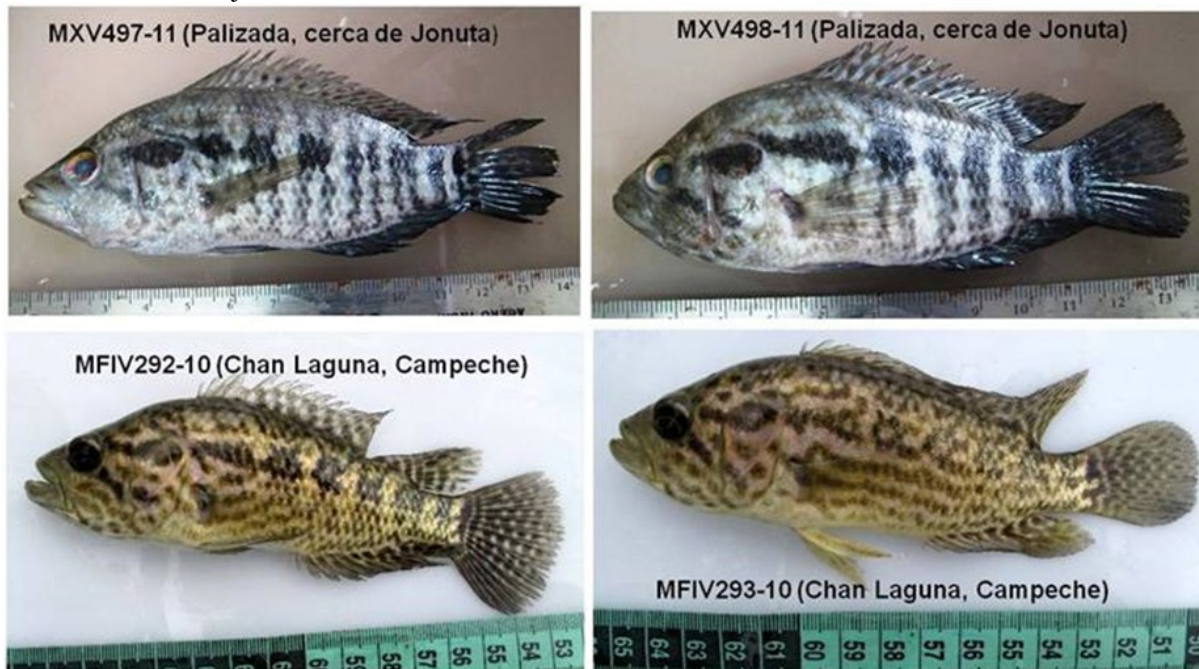
Finalmente, se realizó un análisis más detallado de las relaciones de parsimonia entre especies a través de la construcción de una red mínima de haplotipos con el método de ligamiento mediano (Bandelt et al., 1999) implementado en el programa PopART versión 1.7 (Leigh y Bryant, 2015), asumiendo una  $\epsilon$  de 0. Los polimorfismos de los haplotipos se representaron con relación a las secuencias y se asignó un color específico a cada especie.

#### Resultados

Las 174 secuencias analizadas corresponden a 9 géneros y 13 especies de cíclidos. El contraste de las fotografías de especímenes con la literatura consultada permitió detectar la presencia de secuencias pertenecientes al guapote jaguar *Parachromis managuensis* (Günther 1867) (ver Figura 1) y a la mojarra de la Lana *Vieja fenestrata* (Günther 1860) (ver Figura 2).

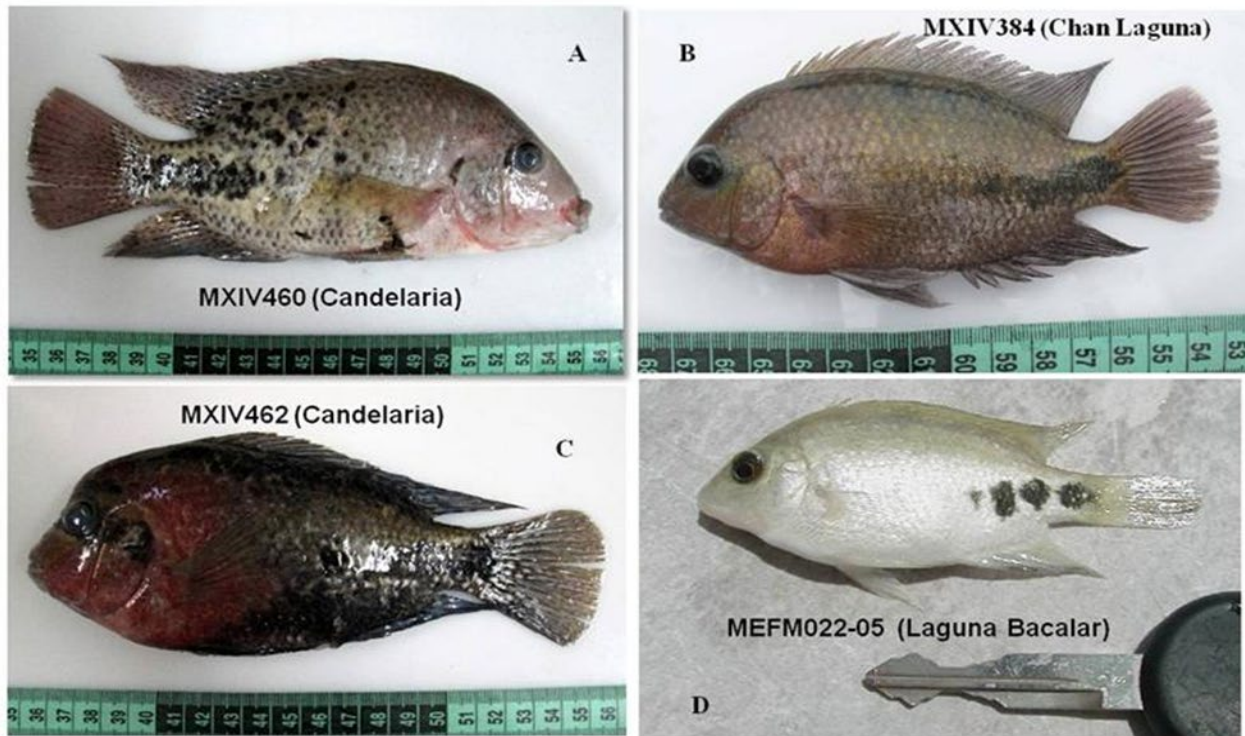
La Figura 3 muestra la curva de acumulación, la cual indica que la representatividad genética a nivel de especie es adecuada, mientras que a nivel de haplotipos se requiere de un mayor tamaño de muestra.

Figura 1. Ejemplares que respaldan las secuencias del guapote jaguar, *Parachromis managuensis* (Günther 1867), analizadas en este trabajo.



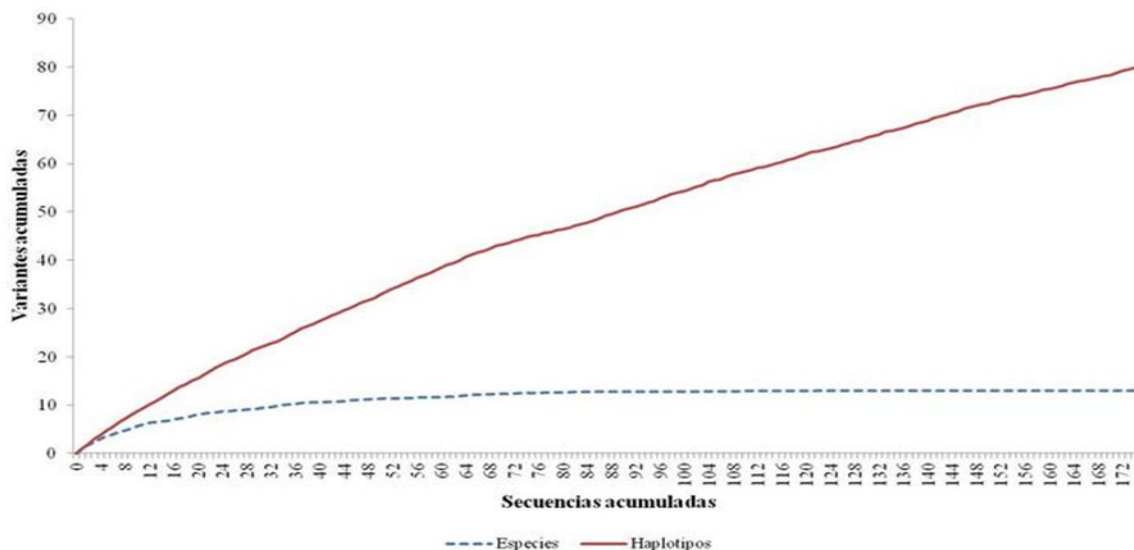
Nota. Dos juveniles (abajo, de color amarillo) se identificaron erróneamente como *P. multifasciatus* (Regan 1905). Fuente: BOLD©, créditos: Carolina Quintal Lezama.

Figura 2. Ejemplares de respaldo de algunas de las secuencias de *Vieja fenestrata* (Günther 1860) y *Vieja melanurus* (Günther 1862).



Nota. Se contrasta la morfología, incluyendo la coloración, de un ejemplar de *V. fenestrata* (A), con tres ejemplares, de distintos sitios, de *V. melanurus* (B-D). Fuente: BOLD©, créditos: Carolina Quintal Lizama (A – C), Martha Valdéz Moreno (D).

Figura 3. Curva de acumulación de la diversidad genética de la familia Cichlidae en la península de Yucatán.



Nota. Se consideró como medida de esfuerzo el número acumulado de secuencias. Elaboración propia.

Como se señala en la Tabla 1, se obtuvieron 34 haplotipos diferentes, entre los que sobresalen *Thorichthys meeki* Brind 1918 (26.5% del total, n= 9) y *Mayaheros urophthalmus* (Günther 1862), con 11.8% (n= 4); mientras que *Cryptoheros chetumalensis* Schmitter-Soto 2007, *Parachromis multifasciatus* (Regan 1905), *P. managuensis* y *Petenia splendida* Günther 1862 aportan cada una el 2.9% (n= 1 en cada caso). Tanto por su diversidad haplotípica (Hd) como por su diversidad nucleotídica ( $\pi$ ), sobresalen *Thorichthys helleri* (Steindachner 1864), *T. meeki* y *M. urophthalmus*.

Tabla1. Diversidad molecular de las diferentes especies de cíclidos consideradas en este trabajo. Se incluyen el número de secuencias (n), el número de sitios polimórficos (S), el número de haplotipos (h), la diversidad haplotípica (Hd), la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) y el número promedio de diferencias nucleotídicas (K).

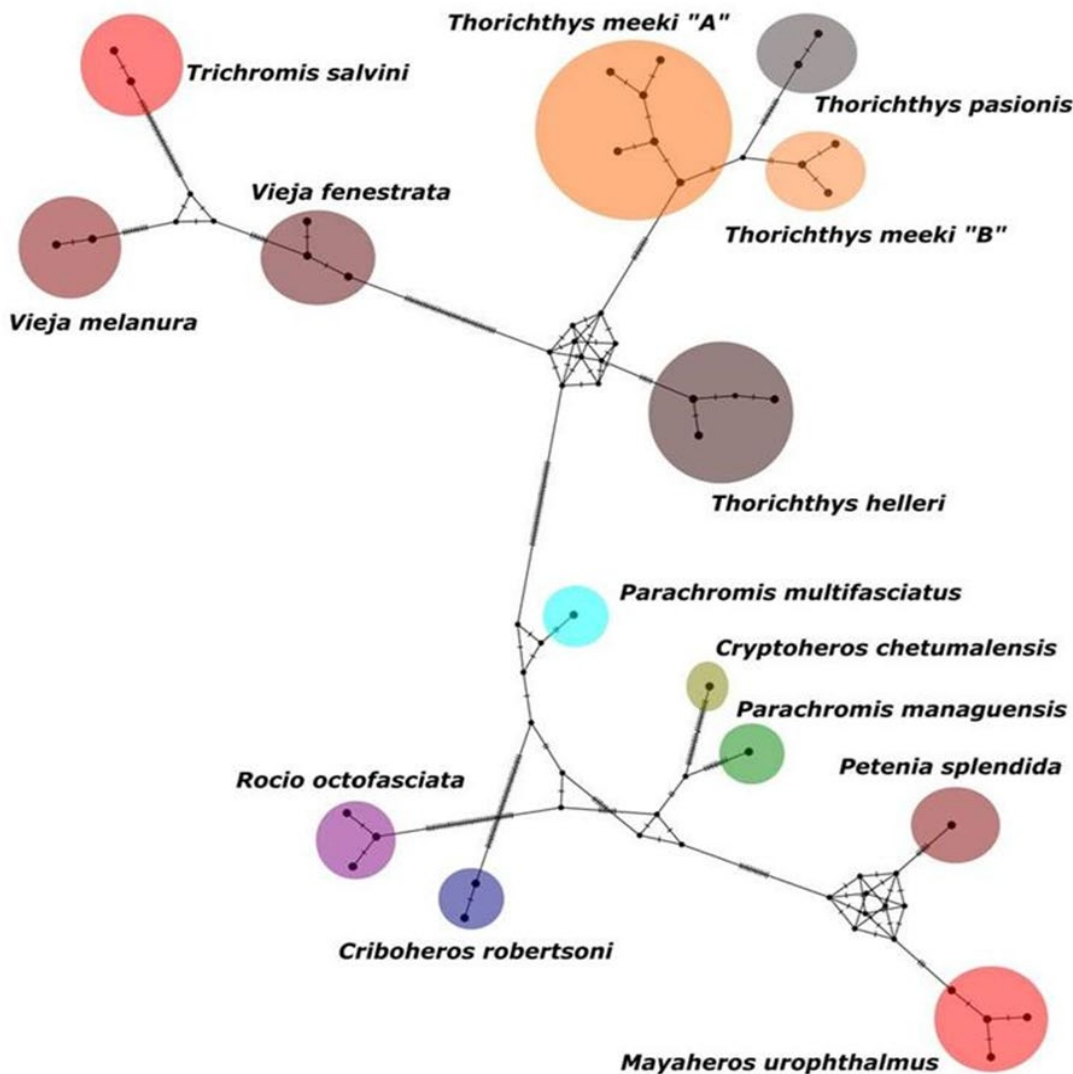
Especie	n	S	h	Hd	$\pi$	K
<i>Cribroheros robertsoni</i> (Regan, 1905)	5	1	2	0.400	0.00096	0.400
<i>Cryptoheros chetumalensis</i> Schmitter-Soto, 2007	7	0	1	0.000	0.00000	0.000
<i>Mayaheros urophthalmus</i> (Günther, 1862)	21	3	4	0.719	0.00226	0.943
<i>Parachromis managuensis</i> (Günther, 1867)	4	0	1	0.000	0.00000	0.000
<i>Parachromis multifasciatus</i> (Regan, 1905)	7	0	1	0.000	0.00000	0.000
<i>Petenia splendida</i> Günther, 1862	5	0	1	0.000	0.00000	0.000
<i>Rocio octofasciata</i> (Regan, 1903)	9	2	3	0.639	0.00186	0.778
<i>Thorichthys helleri</i> (Steindachner, 1864)	5	3	3	0.800	0.00335	1.400
<i>Thorichthys meeki</i> Brind, 1918	72	11	9	0.730	0.00769	3.212
<i>Thorichthys pasionis</i> (Rivas, 1962)	8	1	2	0.250	0.00060	0.250
<i>Trichromis salvini</i> (Günther, 1862)	6	1	2	0.533	0.00128	0.533
<i>Vieja fenestrata</i> (Günther, 1860)	4	2	3	0.833	0.00239	1.000
<i>Vieja melanurus</i> (Günther, 1862)	15	1	2	0.514	0.00123	0.514

Nota. Se incluyen el número de secuencias (n), el número de sitios polimórficos (S), el número de haplotipos (h), la diversidad haplotípica (Hd), la diversidad nucleotídica ( $\pi$ ) y el número promedio de diferencias nucleotídicas (K). Elaboración propia.

El análisis de la red de haplotipos reveló dos grandes grupos de haplotipos (ver Figura 4). En el primero se observan dos subgrupos: uno que contiene a las especies de los géneros *Trichromis* y *Vieja*, mientras que el otro está conformado por las especies *T. meeki* y *Thorichthys pasionis* (Rivas 1962). *T. helleri* se mantiene separada de los subgrupos anteriores, mientras que para *T. meeki* se obtuvieron dos grupos de haplotipos, aquí denominados A y B.

En el segundo grupo, *P. multifasciatus* es la especie con mayor distancia de separación, mientras que el par *C. chetumalensis* - *P. managuensis* es el más cercano. *M. urophthalmus* y *P. splendida* también conforman un par cercano, mientras que del otro lado de la red se encuentran *Cribroheros robertsoni* (Regan 1905) y *Rocio octofasciata* (Regan 1903).

Figura 4. Red de haplotipos de las secuencias de las especies de la familia Cichlidae consideradas en el presente trabajo.



Nota. Se remarcan los grupos de secuencias de especies con coloraciones diferentes.

#### Discusión

El uso de códigos de barras genéticos (como el MT-CO1) en especies de ambientes acuáticos, sobre todo en aquellas poco estudiadas, tiene aplicaciones que caen en los terrenos de la sistemática, las pesquerías, la evaluación ambiental, la conservación y la detección de especies exóticas (Elías-Gutiérrez et al., 2021), y puede ser una herramienta de gran utilidad en la documentación y manejo sustentable de la biodiversidad. En este trabajo, utilizamos un enfoque similar al de Mojekwu et al. (2021) para evaluar la diversidad genética y las relaciones de parsimonia entre especies de la familia Cichlidae en la península de Yucatán (sureste de México), con base en el análisis de secuencias públicas del gen MT-CO1 depositadas en el repositorio de BOLD. En este caso, las 174 secuencias utilizadas en el análisis son suficientes para caracterizar la diversidad a nivel de especie, pero no a nivel de haplotipos (intraespecífico). La falta de representatividad a este nivel puede explicarse por las limitaciones en la cobertura espacial y en el número de secuencias públicas disponibles para el análisis, lo que impide una adecuada caracterización de la diversidad (Gaytán et al., 2020).

A pesar de las limitaciones señaladas, el análisis de las secuencias incluidas en el presente trabajo permitió reconocer nuevas localidades de ocurrencia del guapote jaguar *Parachromis managuensis* en la base de la península de Yucatán (Campeche), especie exótica que ya se había reportado con anterioridad en la zona (Barrientos-Medina, 2004; Schmitter-Soto et al., 2010). También se pudo detectar la presencia de la mojarra de la Lana, *Vieja fenestrata*, en las aguas continentales de la península de Yucatán. Esta especie ha sido considerada propia de la ecoregión del Papaloapan (sensu Abell et al., 2008), por lo que los registros al este del río Coatzacoalcos y en particular los del estado de Campeche (e.gr. Hubbs, 1936; Toral-Almazán y Reséndez-Medina, 1974) se descartaron como erróneos y basados en ejemplares juveniles de *Vieja melanura* (Miller et al., 2009). Sin embargo, como puede apreciarse en la red de haplotipos (Figura 4) las secuencias de la mojarra de la Lana forman un grupo cercano, pero claramente separado de las secuencias de *V. melanura*. Con base en esta evidencia y la comparación morfológica de los ejemplares (Figura 3), se extiende el ámbito de la especie para incluir la ecoregión del Grijalva-Usumacinta, hasta el norte del río Champotón. Ante este panorama, es necesaria la revisión de la evidencia morfológica y molecular de la posible presencia de la especie en Laguna Bacalar, Quintana Roo (Valdéz-Moreno et al., 2019) y áreas adyacentes.

Las especies más diversas fueron *Thorichthys helleri*, *T. meeki* y *Mayaheros urophthalmus*. La mojarra amarilla (*T. helleri*) presentó la diversidad haplotídica más alta y la segunda diversidad nucleotídica más alta, a pesar de su bajo número de haplotipos ( $h=3$ ). Por su parte, la mojarra boca de fuego (*T. meeki*) obtuvo el segundo lugar en diversidad haplotídica, el primero en diversidad nucleotídica y el número más elevado de haplotipos ( $h=9$ ). Finalmente, la mojarra rayada (*M. urophthalmus*) tuvo un número mediano de haplotipos ( $n=4$ ) y el tercer lugar tanto en diversidad haplotípica como en diversidad nucleotídica. Ambos valores de diversidad fueron ligeramente mayores que los obtenidos por Razo-Mendivil et al. (2013) para las muestras totales del gen citocromo b, mientras que se encuentran en el rango de valores mencionados por Barrientos-Villalobos et al. (2018) para secuencias concatenadas de citocromo b y MT-CO1.

Las especies menos diversas fueron *Cryptoheros chetumalensis*, *Parachromis managuensis*, *P. multifasciatus* y *Petenia splendida*, tanto en número de haplotipos como en las diversidades haplotídica y nucleotídica (Tabla 1). Hasta donde se sabe, estos son los primeros reportes de diversidad genética para *C. chetumalensis* y *P. multifasciatus* en la región. Los grupos de especies observados en el mapa de haplotipos pueden ser explicados, al menos en parte, por semejanzas generales en hábitos alimenticios de los géneros: omnivoría (*Rocio*, *Trichromis*), herbivoría (*Vieja*), carnivoría (*Criboheros*, *Thorichthys*) y piscivoría (*Parachromis*, *Petenia*). En este último grupo podrían incluirse también *Cryptoheros* y *Mayaheros*.

En términos de diferenciación, destaca el caso de *Thorichthys meeki*, especie en la que se detectaron dos subgrupos que no comparten haplotipos. El subgrupo "A" es el más diverso, pues contiene seis haplotipos, mientras que el subgrupo "B" contiene tres haplotipos. Dado que en Laguna Bacalar se presentan al menos tres haplotipos, y que se ha mencionado la presencia en ese cuerpo de agua de una especie de *Thorichthys* (aún no descrita pero cercana a la mojarra boca de fuego - *Thorichthys* aff. *meeki*, sensu Schmitter-Soto 1998), es necesario hacer un análisis más detallado y con un enfoque filogeográfico de la variación genética de la especie.

Este trabajo representa una línea de base para continuar con estudios más detallados y profundos de la variación, tanto morfológica como genética, de las mojarra de agua dulce en la península de Yucatán. Por un lado, se sienta un precedente en el conocimiento de la variabilidad genética de especies como *C. chetumalensis* y *P. multifasciatus*; y, por otra parte, se aporta evidencia para profundizar el análisis en especies como *Thorichthys meeki* y *Vieja fenestrata*, entre otras.

#### Conclusiones

Este estudio presenta una visión esencial de la diversidad genética de las especies de las mojarra de agua dulce (Cichlidae) en la península de Yucatán, México, utilizando secuencias del gen MT-CO1.

Los hallazgos demuestran la presencia de una variedad significativa de haplotipos en la región. *Mayaheros urophthalmus*, *Thorichthys helleri* y *T. meeki* destacan por su alta diversidad genética, lo que sugiere una alta capacidad de adaptación y diferenciación en sus nichos ecológicos.

La identificación de la especie exótica *Parachromis managuensis* y la expansión del ámbito de *Vieja fenestrata* en la península de Yucatán representan contribuciones valiosas a la comprensión de la biodiversidad de la región.

Este estudio establece una línea de base importante para futuras investigaciones sobre patrones y procesos de diversificación de cíclidos en la península de Yucatán y resalta la necesidad de continuar explorando la diversidad genética en la región.

#### Agradecimientos

A Martha Valdéz Moreno (El Colegio de la Frontera Sur, Unidad Chetumal), por su amabilidad al compartir la información sobre las fotografías empleadas en el artículo, y a Christian Lambarri (Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México), por la revisión de una versión previa.

#### Referencias bibliográficas

- Ali, F. S., Ismail, M., y Aly, W. (2020). DNA barcoding to characterize biodiversity of freshwater fishes of Egypt. *Molecular Biology Reports*, 47(8), 5865–5877. <https://doi.org/10.1007/s11033-020-05657-3>
- Bandelt, H. J., Forster, P., y Rohl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37–48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
- Barrientos-Medina, R. C. (2004). Diversidad de mojarras (Teleostei: Cichlidae) en el suroeste de Campeche, México. En M. L. Lozano-Vilano y A. J. Contreras-Balderas (Ed.), *Homenaje al Dr. Andrés Reséndez Medina, un ictiólogo mexicano*. (pp. 235–249). Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Barrientos-Villalobos, J., Schmitter-Soto, J. J., & de los Monteros, A. J. E. (2018). Several subspecies or phenotypic plasticity? A geometric morphometric and molecular analysis of variability of the Mayan cichlid *Mayaheros urophthalmus* in the Yucatan. *Copeia*, 106(2), 268–278. <https://doi.org/10.1643/ci-17-657>
- Chumba-Segura y Roberto Carlos Barrientos-Medina., L. (2010). Peces dulceacuícolas. En R. Durán y M. Méndez. (Ed.), *Biodiversidad y Desarrollo Humano en Yucatán*. (pp. 253–254). CICY, PPD-FMAM, CONABIO, SEDUMA.
- Elías-Gutiérrez, M., Hubert, N., Collins, R. A., y Andrade-Sossa, C. (2021). Aquatic organisms research with DNA barcodes. *Diversity*, 13(7), 306. <https://doi.org/10.3390/d13070306>
- Gaytán, Á., Bergsten, J., Canelo, T., Pérez-Izquierdo, C., Santoro, M., & Bonal, R. (2020). DNA Barcoding and geographical scale effect: The problems of undersampling genetic diversity hotspots. *Ecology and Evolution*, 10(19), 10754–10772. <https://doi.org/10.1002/ece3.6733>
- Hebert, P. D. N., Ratnasingham, S., y de Waard, J. R. (2003). Barcoding animal life: cytochrome *c* oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings. Biological Sciences*, 270(suppl\_1). <https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0025>
- Hubbs, C. L. (1936). Fishes of the Yucatan Peninsula. *Carnegie Institution of Washington Publication*, 457, 157-287.
- Hubert, N., Pepay, E., Mortillaro, J.-M., Steinke, D., Andria-Mananjara, D. E., y de Verdal, H. (2021). Mitochondrial Genetic Diversity among Farmed Stocks of *Oreochromis* spp. (Perciformes, Cichlidae) in Madagascar. *Diversity*, 13(7), 281. <https://doi.org/10.3390/d13070281>
- 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. <https://doi.org/10.1007/bf01731581>
- Koblmüller, S., Albertson, R. C., Genner, M. J., Sefc, K. M., y Takahashi, T. (2019). Preface: advances in cichlid research III: behavior, ecology, and evolutionary biology. *Hydrobiologia*, 832(1), 1–8. <https://doi.org/10.1007/s10750-019-3903-1>
- Konings, A. (1989). *Cichlids from Central America*. TFH Publications.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., y Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Leigh, J. W., & Bryant, D. (2015). Popart: Full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9), 1110–1116. <https://doi.org/10.1111/2041-210x.12410>
- Miller, R. R., Mincey, W. L., y Norris, S. M. (2009). Peces dulceacuícolas de México. CONABIO–SIMAC–ECOSUR–DFC.
- Mojekwu, T. O., Cunningham, M. J., Bills, R. I., Pretorius, P. C., & Hoareau, T. B. (2021). Utility of DNA barcoding in native *Oreochromis* species. *Journal of Fish Biology*, 98(2), 498–506. <https://doi.org/10.1111/jfb.14594>
- Morgenstern, R. (2018). Fishes collected by Emanuel Ritter von Friedrichsthal in Central America between 1838 - 1841. *Vertebrate zoology*, 68(3), 253–267. <https://doi.org/10.3897/vz.68.e31614>

- Nascimento, B. M., de Paula, T. S., & Brito, P. M. M. (2022). DNA barcode of Tilapia fish fillet from the Brazilian market and a standardized Coi haplotyping for molecular identification of *Oreochromis* spp. (Actinopterygii, Cichlidae). *SSRN Electronic Journal*. <https://doi.org/10.2139/ssrn.4002237>
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). bold: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, 7(3), 355–364. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2013). A DNA-based registry for all animal species: The barcode index number (BIN) system. *PLoS One*, 8(7), e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Razo-Mendivil, U., Vázquez-Domínguez, E., & de León, G. P.-P. (2013). Discordant genetic diversity and geographic patterns between *Crassicutis cichlasomae* (Digenea: Apocreadiidae) and its cichlid host, “*Cichlasoma urophthalmus* (osteichthyes: Cichlidae), in middle-America. *The Journal of Parasitology*, 99(6), 978–988. <https://doi.org/10.1645/13-225.1>
- Ribolli, J., Zaniboni Filho, E., Scaranto, B. M. S., Shibatta, O. A., & Machado, C. B. (2021). Cryptic diversity and diversification processes in three cis-Andean Rhamdia species (Siluriformes: Heptapteridae) revealed by DNA barcoding. *Genetics and molecular biology*, 44(3). <https://doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2020-0470>
- Řičan, O., Piálek, L., Dragová, K., & Novák, J. (2016). Diversity and evolution of the Middle American cichlid fishes (Teleostei: Cichlidae) with revised classification. *Vertebrate zoology*, 66(1), 1–102. <https://doi.org/10.3897/vz.66.e31534>
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12), 3299–3302. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx248>
- Santos, M. E., Lopes, J. F., & Kratochwil, C. F. (2023). East African cichlid fishes. *EvoDevo*, 14(1). <https://doi.org/10.1186/s13227-022-00205-5>
- Schmitter-Soto, J. J. (1998). *Catálogo de los peces continentales de Quintana Roo*. El Colegio de la Frontera Sur.
- Schmitter-Soto, J. J., Vega-Cendejas, M. E., y Torres-Castro, I. L. (2010). Peces de agua dulce. En G. J. Villalobos-Zapata & J. Mendoza-Vega (Eds.), *La biodiversidad en Campeche: estudio de estado* (pp. 316-321). CONABIO–Gobierno del Estado de Campeche–Universidad Autónoma de Campeche–ECOSUR.
- Svardal, H., Salzburger, W., & Malinsky, M. (2021). Genetic variation and hybridization in evolutionary radiations of cichlid fishes. *Annual Review of Animal Biosciences*, 9(1), 55–79. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-061220-023129>
- Toral-Almazán y A. Reséndez-Medina., S. (1974). Los cíclidos (Pisces: Perciformes) de la Laguna de Términos y sus afluentes. *Revista de Biología Tropical*, 21(2), 259–279.
- Valdez-Moreno, M., Ivanova, N. V., Elías-Gutiérrez, M., Contreras-Balderas, S., & Hebert, P. D. N. (2009). Probing diversity in freshwater fishes from Mexico and Guatemala with DNA barcodes. *Journal of Fish Biology*, 74(2), 377–402. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8649.2008.02077.x>
- Valdez-Moreno, Martha, Vásquez-Yeomans, L., Elías-Gutiérrez, M., Ivanova, N. V., & Hebert, P. D. N. (2010). Using DNA barcodes to connect adults and early life stages of marine fishes from the Yucatan Peninsula, Mexico: potential in fisheries management. *Marine & Freshwater Research*, 61(6), 655. <https://doi.org/10.1071/mf09222>
- Valdez-Moreno, Martha, Ivanova, N. V., Elías-Gutiérrez, M., Pedersen, S. L., Bessonov, K., & Hebert, P. D. N. (2019). Using eDNA to biomonitor the fish community in a tropical oligotrophic lake. *PLoS One*, 14(4), e0215505. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215505>
- Vences, M., Stützer, D., Rasoamampionona Raminosoa, N., & Ziegler, T. (2022). Towards a DNA barcode library for Madagascar’s threatened ichthyofauna. *PLoS One*, 17(8), e0271400. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271400>
- Ximenes, A. M., Bittencourt, P. S., Machado, V. N., Hrbek, T., & Farias, I. P. (2021). Mapping the hidden diversity of the *Geophagus sensu stricto* species group (Cichlidae: Geophagini) from the Amazon basin. *PeerJ*, 9(e12443), e12443. <https://doi.org/10.7717/peerj.12443>

#### Apéndice

Secuencias de ADN mitocondrial del gen MT-COI, recuperadas del Sistema BOLD y analizadas en el presente trabajo.

ID BOLD	Acceso GeneBank	Identidad taxonómica	Localidad	Latitud	Longitud
MEFM003-05	EU751756	<i>Rocio octofasciata</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM004-05	EU751989	<i>Thorichthys meeki</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447



MEFM005-05	EU752029	<i>Vieja melanurus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM014-05	EU751755	<i>Rocio octofasciata</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM015-05	EU751753	<i>Rocio octofasciata</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM016-05	EU751752	<i>Rocio octofasciata</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM017-05	EU751754	<i>Rocio octofasciata</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM018-05	EU751988	<i>Thorichthys meeki</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM019-05	EU751987	<i>Thorichthys meeki</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM020-05	EU751986	<i>Thorichthys meeki</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM021-05	EU751985	<i>Thorichthys meeki</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM022-05	EU752026	<i>Vieja melanurus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM023-05	EU752028	<i>Vieja melanurus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM024-05	EU752027	<i>Vieja melanurus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM182-05	EU751885	<i>Parachromis multifasciatus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM183-05	EU751886	<i>Parachromis multifasciatus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM184-05	EU751888	<i>Parachromis multifasciatus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM185-05	EU751887	<i>Parachromis multifasciatus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM186-05	EU751884	<i>Parachromis multifasciatus</i>	Rancho Pantoja - Laguna Bacalar	18.572	-88.447
MEFM812-06	EU751758	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cerca del puente, Celestun	20.863	-90.38
MEFM813-06	EU751759	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cerca del puente, Celestun	20.863	-90.38
MEFM814-06	EU751760	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cerca del puente, Celestun	20.863	-90.38
MEFM815-06	EU751761	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cerca del puente, Celestun	20.863	-90.38
MEFM816-06	EU751762	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cerca del puente, Celestun	20.863	-90.38
MXII348-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Cristobal Colón, reserva de Calakmul	18.821	-89.164
MXII349-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Cristobal Colón, reserva de Calakmul	18.821	-89.164
MXII350-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Cristobal Colón, reserva de Calakmul	18.821	-89.164
MXII351-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Cristobal Colón, reserva de Calakmul	18.821	-89.164
MXII352-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Cristobal Colón, reserva de Calakmul	18.821	-89.164
MXII353-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Zoh-Laguna, reserva de Calakmul	18.588	-89.418

MXII354-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Zoh-Laguna, Calakmul reserve	18.588	-89.418
MXII355-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Zoh-Laguna, Calakmul reserve	18.588	-89.418
MXII356-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Zoh-Laguna, Calakmul reserve	18.588	-89.418
MXII357-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Zoh-Laguna, Calakmul reserve	18.588	-89.418
MXII358-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Reguena, reserva de Calakmul	18.476	-89.89
MXII359-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Reguena, reserva de Calakmul	18.476	-89.89
MXII360-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Reguena, reserva de Calakmul	18.476	-89.89
MXII361-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Flores Magon II, reserva de Calakmul	18.822	-89.16
MXII362-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Flores Magon II, reserva de Calakmul	18.822	-89.16
MXII363-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Flores Magon II, reserva de Calakmul	18.822	-89.16
MXII364-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Flores Magon II, reserva de Calakmul	18.822	-89.16
MXII365-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Flores Magon II, reserva de Calakmul	18.822	-89.16
MXII366-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Rio Negro, reserva de Calakmul	17.819	-89.256
MXII367-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Rio Negro, reserva de Calakmul	17.819	-89.256
MXII368-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Rio Negro, reserva de Calakmul	17.819	-89.256
MXII369-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Rio Negro, reserva de Calakmul	17.819	-89.256
MXII370-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Rio Negro, reserva de Calakmul	17.819	-89.256
MXII371-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Norte de la reserva de Calakmul	18.218	-89.453
MXII372-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Laguna en Calakmul	18.124	-89.807
MXII374-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Laguna en Calakmul	18.124	-89.807
MXII375-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXII376-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXII377-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXII378-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXII379-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXII380-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Los Cocos	18.696	-88.375
MXII381-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Los Cocos	18.696	-88.375
MXII382-07	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Los Cocos	18.696	-88.375
MXII383-07	EU751976	<i>Thorichthys meeki</i>	Los Cocos	18.696	-88.375
MXII384-07	EU751977	<i>Thorichthys meeki</i>	Sin nombre	18.646	-88.655
MXII385-07	EU751978	<i>Thorichthys meeki</i>	Sin nombre	18.646	-88.655
MXII386-07	EU751979	<i>Thorichthys meeki</i>	Sin nombre	18.646	-88.655
MXII387-07	EU751980	<i>Thorichthys meeki</i>	Rancho Alegre	18.58	-88.442
MXII389-07	EU751981	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461

MXII390-07	EU751982	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXII391-07	EU751983	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXII392-07	EU751984	<i>Thorichthys meeki</i>	Xul-Ha	18.548	-88.461
MXIII187-09	GU807038	<i>Petenia splendida</i>	Laguna Ucum	19.466	-88.104
MXIII188-09	GU807052	<i>Thorichthys meeki</i>	Laguna Ucum	19.466	-88.104
MXIII189-09	GU807053	<i>Thorichthys meeki</i>	Laguna Ucum	19.466	-88.104
MXIII190-09	GU807036	<i>Cryptoheros chetumalensis</i>	Laguna Ucum	19.466	-88.104
MXIII191-09	GU807037	<i>Cryptoheros chetumalensis</i>	Laguna Ucum	19.466	-88.104
MXIII198-09	GU807045	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII199-09	GU807046	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII200-09	GU807058	<i>Thorichthys meeki</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII201-09	GU807059	<i>Thorichthys meeki</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII203-09	GU807055	<i>Thorichthys meeki</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII204-09	GU807060	<i>Thorichthys meeki</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII205-09	GU807061	<i>Thorichthys meeki</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII206-09	GU807062	<i>Thorichthys meeki</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII207-09	GU807039	<i>Petenia splendida</i>	Cenote El Padre	19.607	-87.988
MXIII208-09	GU807056	<i>Thorichthys meeki</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII209-09	GU807063	<i>Thorichthys meeki</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII210-09	GU807064	<i>Thorichthys meeki</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII211-09	GU807065	<i>Thorichthys meeki</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII212-09	GU807057	<i>Thorichthys meeki</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII213-09	GU807049	<i>Trichromis salvini</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII214-09	GU807050	<i>Trichromis salvini</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII215-09	GU807051	<i>Trichromis salvini</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII216-09	GU807048	<i>Trichromis salvini</i>	Minicenote	19.607	-87.989
MXIII217-09	GU807040	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote Zaci	20.69	-88.199
MXIII218-09	GU807041	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote Zaci	20.69	-88.199
MXIII219-09	GU807042	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote Zaci	20.69	-88.199
MXIII220-09	GU807043	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote Zaci	20.69	-88.199
MXIII221-09	GU807044	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote Zaci	20.69	-88.199
MXIII276-09	GU807066	<i>Thorichthys meeki</i>	Azul-Region 225, Cancun	21.185	-86.865
MXIII277-09	GU807047	<i>Vieja melanurus</i>	Azul-Region 225, Cancun	21.185	-86.865
MXIII278-09	GU807067	<i>Thorichthys meeki</i>	Azul-Region 225, Cancun	21.185	-86.865
MXIII279-09	GU807068	<i>Thorichthys meeki</i>	Arroyo Ucum	18.506	-88.515
MXIII280-09	GU807054	<i>Thorichthys meeki</i>	Arroyo Ucum	18.506	-88.515
MXIII292-09	GU807101	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote Galeana	19.47	-88.029
MXIII293-09	GU807102	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Cenote Galeana	19.47	-88.029

MXIII294-09	GU807098	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Bacalar	18.656	-88.404
MXIII295-09	GU807099	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Bacalar	18.656	-88.404
MXIII296-09	GU807096	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Bacalar	18.656	-88.404
MXIII297-09	GU807100	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Bacalar	18.656	-88.404
MXIII298-09	GU807097	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Bacalar	18.656	-88.404
MXIII346-09	GU807103	<i>Parachromis multifasciatus</i>	Humedal al sur de Nuevo Becun	18.518	-89.103
MXIII453-09	GU807107	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Laguna La Gloria, Isla Mujeres	21.227	-86.73
MXIII454-09	GU807106	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Laguna La Gloria, Isla Mujeres	21.227	-86.73
MXIII456-09	GU807109	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Laguna La Gloria, Isla Mujeres	21.227	-86.73
MXIII457-09	GU807108	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Laguna La Gloria, Isla Mujeres	21.227	-86.73
MXIII461-09	GU807110	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Laguna La Gloria, Isla Mujeres	21.227	-86.73
FYPM023-10	HQ564583	<i>Cryptoheros chetumalensis</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM024-10	HQ564584	<i>Cryptoheros chetumalensis</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM025-10	SA	<i>Cryptoheros chetumalensis</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM026-10	HQ564585	<i>Cryptoheros chetumalensis</i>	Rio Negro	17.82	-89.257
FYPM027-10	HQ564586	<i>Cryptoheros chetumalensis</i>	Rio Negro	17.82	-89.257
FYPM028-10	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM029-10	HQ564587	<i>Thorichthys meeki</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM030-10	HQ564588	<i>Thorichthys meeki</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM031-10	HQ564589	<i>Thorichthys meeki</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM032-10	HQ564590	<i>Thorichthys meeki</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM034-10	SA	<i>Rocio octofasciata</i>	Reguena	18.476	-89.89
FYPM035-10	SA	<i>Rocio octofasciata</i>	Reguena	18.476	-89.89
FYPM036-10	SA	<i>Rocio octofasciata</i>	Puente Tanyucan	18.522	-89.682
FYPM038-10	SA	<i>Cribroheros robertsoni</i>	Reguena	18.476	-89.89
FYPM039-10	HQ564592	<i>Cribroheros robertsoni</i>	Reguena	18.476	-89.89
FYPM040-10	HQ564593	<i>Cribroheros robertsoni</i>	Puente Tanyucan	18.522	-89.682
FYPM041-10	HQ564594	<i>Cribroheros robertsoni</i>	Puente Tanyucan	18.522	-89.682
FYPM042-10	SA	<i>Cribroheros robertsoni</i>	Arroyo Negro	17.858	-89.245
FYPM050-10	SA	<i>Petenia splendida</i>	Reguena	18.476	-89.89
FYPM051-10	HQ564601	<i>Petenia splendida</i>	Reguena	18.476	-89.89
FYPM052-10	HQ564602	<i>Trichromis salvini</i>	Puente Tanyucan	18.522	-89.682
MFIV283-10	SA	<i>Trichromis salvini</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV284-10	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV285-10	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV286-10	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV288-10	SA	<i>Rocio octofasciata</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV290-10	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021

MFIV291-10	SA	<i>Petenia splendida</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV292-10	SA	<i>Parachromis managuensis*</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV293-10	SA	<i>Parachromis managuensis*</i>	Chan Laguna	18.48	-90.021
MFIV295-10	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Laguna Maravillas	18.501	-90.273
MFIV296-10	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Laguna Maravillas	18.501	-90.273
MFIV297-10	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Laguna Maravillas	18.501	-90.273
MFIV298-10	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Maravillas	18.501	-90.273
MFIV305-10	SA	<i>Parachromis multifasciatus</i>	Cerca del poblado de Candelaria	18.184	-91.046
MFIV334-10	SA	<i>Thorichthys helleri</i>	río Candelaria	18.389	-91.308
MFIV335-10	SA	<i>Thorichthys helleri</i>	río Candelaria	18.389	-91.308
MFIV336-10	SA	<i>Vieja fenestrata</i>	río Candelaria	18.389	-91.308
MFIV337-10	SA	<i>Vieja fenestrata</i>	río Candelaria	18.389	-91.308
MFIV342-10	SA	<i>Vieja fenestrata</i>	Salto Grande	20.167	-90.483
MFIV346-10	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Salto Grande	20.167	-90.483
MFIV347-10	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Salto Grande	20.167	-90.483
MFIV348-10	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Salto Grande	20.167	-90.483
MFIV366-10	SA	<i>Vieja fenestrata</i>	Candelaria	18.184	-91.046
MFIV367-10	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Candelaria	18.184	-91.046
MFIV368-10	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Candelaria	18.184	-91.046
MXV445-11	SA	<i>Thorichthys helleri</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV446-11	SA	<i>Thorichthys helleri</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV447-11	SA	<i>Thorichthys helleri</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV468-11	SA	<i>Thorichthys meeki</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV472-11	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV473-11	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV492-11	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Silvituc	18.643	-90.294
MXV493-11	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Silvituc	18.643	-90.294
MXV494-11	SA	<i>Vieja melanurus</i>	Laguna Silvituc	18.643	-90.294
MXV497-11	SA	<i>Parachromis managuensis</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV498-11	SA	<i>Parachromis managuensis</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV504-11	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV505-11	SA	<i>Thorichthys pasionis</i>	Cerca de Jonuta	18.109	-92.078
MXV806-15	SA	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Puente Chen Ka III	19.1454	-90.9544
MXV807-15	SA	<i>Mayaheros urophthalmus</i>	Puente Chen Ka III	19.1454	-90.9544
BACZP659-16	SA	<i>Petenia splendida</i>	Cenote Cocalitos - Laguna Bacalar	18.651	-88.409



<http://avacient.chetumal.tecnm.mx/index.php/revista>

<https://www.facebook.com/avacient>

<https://doi.org/10.69823/avacient.v5n1a2>