



RIQUEZA FLORÍSTICA Y EVALUACIÓN DEL MARCADOR *rbcl* EN PLANTAS RIBEREÑAS DE CUATRO RÍOS DE LA AMAZONÍA PERUANA

Hector J. ACHO-VASQUEZ^{1,3*}, Luis A. TORRES MONTENEGRO², Diana CASTRO-
RUIZ³, Adriana Del Pilar BURGA CABRERA¹, Carmen GARCÍA-DÁVILA³

¹ Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de la Amazonia Peruana, Iquitos, Perú.

² Herbario Herrersen (HH), Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP), Iquitos, Perú

³ Laboratorio de Biología y Genética Molecular (LBGM), Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP), Iquitos, Perú.

* Correo electrónico: hjvasquez17@gmail.com

RESUMEN

Los bosques ribereños de la Amazonía peruana son ecosistemas de alta diversidad, pero también de los más amenazados por la actividad humana. Sin embargo, el conocimiento sobre su flora sigue siendo limitado, ya que las investigaciones han priorizado los bosques de tierra firme. Este estudio tuvo como objetivo identificar y discriminar especies de plantas con flores mediante secuencias del gen cloroplástico *rbcl*. El estudio se realizó en las cuencas bajas de los ríos Nanay, Yanayacu, Marañón y Ucayali en Perú. Las colectas se llevaron a cabo entre enero y marzo de 2022, recolectando únicamente plantas con flores en ambas orillas de cada río. Se realizó la identificación morfológica, el análisis molecular mediante BLASTn y la reconstrucción filogenética utilizando el método de Máxima Verosimilitud (ML). En total, se identificaron 160 especies, 124 géneros y 59 familias. Se registraron y depositaron 193 nuevas secuencias en GenBank a partir del gen *rbcl*. El marcador mostró una eficacia del 100% en la discriminación de familias y del 85.48% a nivel de género, evidenciando su utilidad en estudios florísticos. El estudio reveló la alta diversidad de la flora ribereña y aporta nuevos registros genéticos a GenBank, contribuyendo al conocimiento y la conservación de la biodiversidad en la Amazonía peruana.

PALABRAS CLAVE: Amazonia peruana, bosques ribereños; filogenia; ríos; *rbcl*

FLORISTIC RICHNESS AND EVALUATION OF THE *rbcl* MARKER IN RIPARIAN PLANTS FROM FOUR RIVERS OF THE PERUVIAN AMAZON

ABSTRACT

Riparian forests of the Peruvian Amazon are highly diverse ecosystems, but also among the most threatened by human activities. However, knowledge of their flora remains limited, as research has primarily focused on terra firme forests. This study aimed to identify and discriminate flowering plant species using sequences of the chloroplast gene *rbcl*. The study was conducted in the lower basins of the Nanay, Yanayacu, Marañón, and Ucayali rivers in Peru. Sampling was carried out between January and March 2022, collecting only flowering plants from both riverbanks of each river. Morphological identification, molecular analysis using BLASTn, and phylogenetic reconstruction based on the Maximum Likelihood (ML) method were performed. A total of 160 species, 124 genera, and 59 families were identified. In addition, 193 new sequences of the *rbcl* gene were generated and deposited in GenBank. The marker showed 100% efficiency in family-level discrimination and 85.48% at the genus level, demonstrating its usefulness in floristic studies. This study revealed the high diversity of riparian flora and provides new genetic records to GenBank, contributing to the knowledge and conservation of biodiversity in the Peruvian Amazon.

KEYWORDS: Peruvian Amazon; riparian forests; phylogeny; rivers; *rbcl*

INTRODUCCIÓN

La Amazonía, con aproximadamente 6.7 millones de km², constituye una de las regiones más extensas y biodiversas del planeta (Poorter *et al.*, 2015; Sakschewski *et al.*, 2016; Souza *et al.*, 2024). Dentro de este mosaico ecológico, los bosques ribereños también denominados bosques de ribera o de galería, representan ecosistemas de transición entre ambientes fluviales y terrestres (Mendoza-Cariño *et al.*, 2023), caracterizados por especies adaptadas a regímenes periódicos de inundación (Carim *et al.*, 2008; Myster, 2018).

Sin embargo, en el Perú aún existe escasa información específica sobre su composición florística y diversidad genética. La investigación científica se ha centrado principalmente en bosques de tierra firme o bosques secos costeros (Kvist & Nebel, 2001; Nebel *et al.*, 2001; Poorter *et al.*, 2015; MINAM, 2019; Alvarez-Montalván *et al.*, 2021; Linares-Palomin *et al.*, 2022; Wittmann *et al.*, 2022; Suarez *et al.*, 2023; Flores *et al.*, 2024).

En este contexto, el *DNA barcoding* ha emergido como una herramienta molecular estandarizada para la identificación de especies mediante secuencias cortas de ADN obtenidas a partir de pequeñas muestras de tejido (Hebert *et al.*, 2003), constituyendo un complemento fundamental para la identificación taxonómica tradicional. Entre los marcadores, el gen cloroplástico *rbcl* (subunidad grande de la ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa/oxigenasa) destaca por su amplia utilización en estudios filogenéticos y por contar con más de 56 056 sumisiones en el GenBank (Kress *et al.*, 2005; Omonhinmin & Onuselogu, 2022). Sus principales ventajas incluyen la alta tasa de amplificación, secuenciación y facilidad de alineamiento para plantas vasculares (Hollingsworth *et al.*, 2009; Kress *et al.*, 2005). Aunque su resolución es generalmente mayor en niveles taxonómicos superiores familia y género y puede presentar limitaciones en la

discriminación interespecífica, diversos estudios han demostrado su utilidad como herramienta robusta para validación taxonómica y estudios ecológicos (Yao *et al.*, 2019; Protopopova *et al.*, 2021; Rosyidianaputri *et al.*, 2023; Omonhinmin *et al.*, 2023), su uso estandarizado lo posiciona como una herramienta confiable para la validación taxonómica y la generación de datos en repositorios como GenBank (Benson *et al.*, 2014).

Por ello, el presente estudio tuvo como objetivo identificar y discriminar especies con flores de bosques ribereños en las cuencas bajas de los ríos Nanay, Yanayacu, Marañón y Ucayali, mediante el uso del marcador cloroplástico *rbcl*, integrando evidencia morfológica y molecular. Esta aproximación busca fortalecer el conocimiento de la diversidad florística ribereña y aportar información genética que contribuya a futuras investigaciones y estrategias de conservación en la Amazonía peruana.

MATERIALES Y MÉTODOS

ÁREA DE ESTUDIO

La colecta se realizó en cuencas con distintos tipos de agua, abarcando las cuencas bajas de los ríos Nanay y Yanayacu (agua negra), así como Marañón y Ucayali (agua blanca), en el departamento de Loreto (Tabla 1, Figura 1).

COLECTA E IDENTIFICACIÓN DE MUESTRAS BOTÁNICAS

La colecta del material botánico se llevó a cabo durante la temporada de lluvias, entre enero y marzo de 2022. El muestreo se efectuó mediante un enfoque selectivo dirigido a plantas fértiles (con flores y/o frutos), priorizando aquellas que permitieran una identificación taxonómica confiable. En cada cuenca fluvial se recorrieron aproximadamente 3 km a lo largo de ambas

Tabla 1. Coordenadas geográficas de las localidades de colecta de muestras fértiles de plantas ribereñas en la Amazonia Peruana.

Comunidades cercanas	Ríos	Tipo de agua	Inicio de colecta	Final de colecta
			Latitud/ Longitud	Latitud/ Longitud
Maravilla	Nanay	Negra	3°52'52.248"S/ 73°33'53.668"W	3°52'19.5"S/ 73°33'15.1"W
20 de Enero	Yanayacu	Negra	4°37'54.620"S/ 73°51'37.521"W	4°37'55.4"S/ 73°53'21.1"W
Puerto América	Marañón	Blanca	4°36'37.224"S/ 74°12'54.72"W	4°38'29.4"S/ 74°12'01.0"W
Jenaro Herrera	Ucayali	Blanca	4°54'15.156"S/ 73°43'3.396"W	4°52'26.0"S/ 73°43'26.1"W

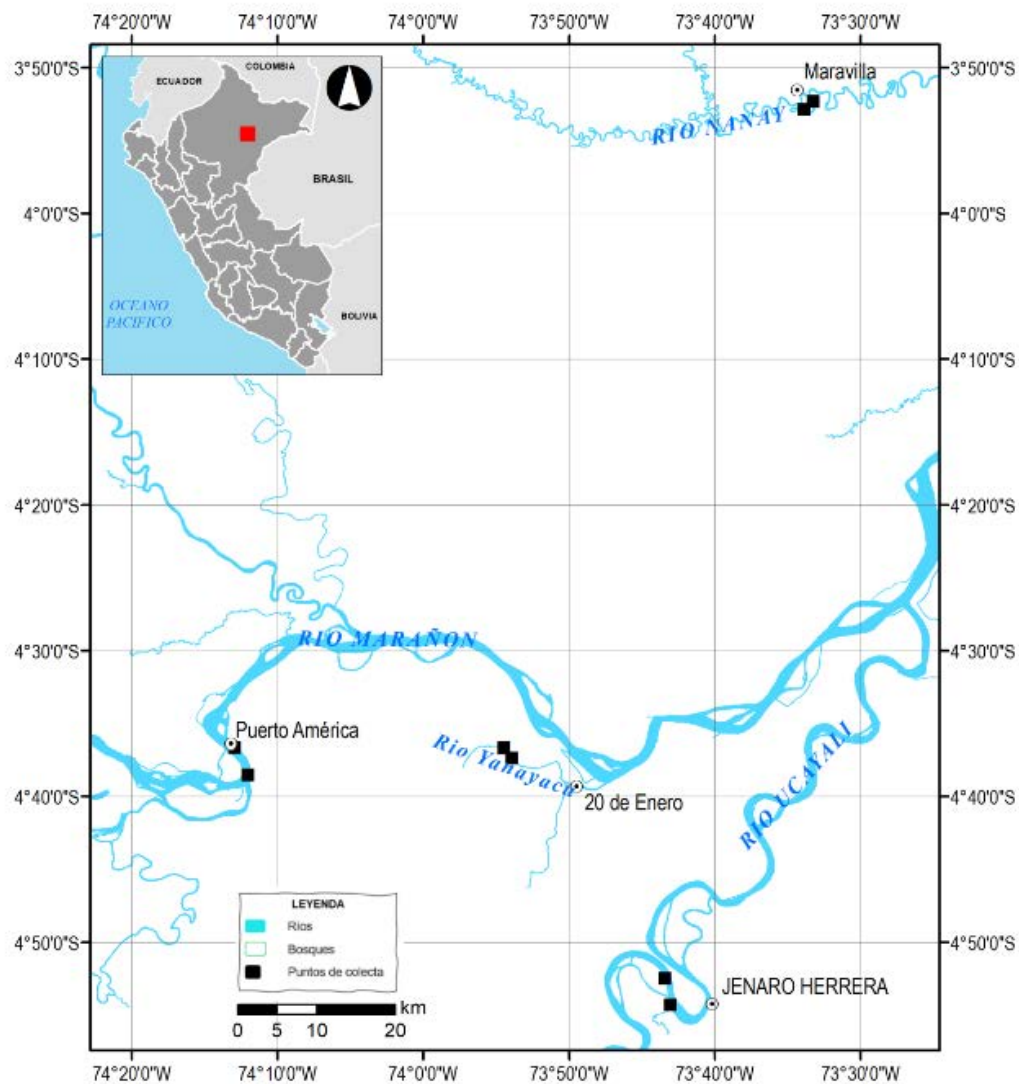


Figura 1. Puntos de muestreo de plantas fértiles en los ríos de Nanay, Yanayacu, Marañón y Ucayali en el departamento de Loreto

orillas, estableciendo una franja de muestreo de hasta 15 m de profundidad desde la orilla. Para aquellas especies con múltiples plantas fértiles, se colectaron ejemplares que contenían las flores y/o los frutos mejor desarrollados (Ricker, 2014). Esta estrategia permitió maximizar la diversidad de especies colectadas en su estado fértil, asegurando representatividad en el muestreo.

La identificación taxonómica a nivel de especie se utilizaron las claves taxonómicas de Gentry (1996) y Martínez *et al.* (1999). Así mismo, se consultaron herbarios virtuales del Missouri Botanical Garden (Garden, 2023), Plantas de Brasil (REFLORA., 2023) y Flora del mundo (WFO, 2023). Las muestras botánicas recolectadas fueron depositadas en el Herbario Herrerense del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (Suplemento 1)

EXTRACCIÓN Y CUANTIFICACIÓN DEL ADN TOTAL

La extracción de ADN total se realizó a partir de 30 gr de hojas secas (conservadas en silica gel), mediante el método de extracción CTAB modificado (Doyle & Doyle, 1987). Para el análisis espectrofotométrico para medir la pureza y la concentración del ADN, se utilizó un intervalo aceptable de 1,7 a 2,1 (A260/A280) y para corroborar se utilizó un gel de agarosa al 0,8%

CONDICIONES DE PCR PARA LA AMPLIFICACIÓN DEL GEN *rbcl*

La amplificación fue realizada en base a un fragmento del gen *rbcl*- F: 5'ATG TCA CCA CAAA CAG AGA ACT AAA GC 3' (Levin *et al.*, 2003) y R: 5'GTA AAA TCA AGT CCA CCR CG 3'(Kress & Erickson, 2007). El PCR fue realizado en un volumen final de 10 µl, conteniendo ADN (100ng/µl), Buffer (10x), MgSO₄ (25 mM), dNTPs (2 mM), primers (*rbcl*) forward y reverse (10 µM), Taq

polimerasa (1 u/µl) y agua ultrapura (Díaz Soria *et al.*, 2019).

Se realizó con un solo perfil de temperatura para todas las especies, comprendiendo de una fase de denaturación inicial a 95°C durante 2 minutos, seguida de 35 ciclos de 95°C por 30 segundos (denaturación), 65.5°C por 60 segundos (hibridación), 72°C por 1 minutos (elongación), seguida por un paso de extensión final a 72°C durante 10 minutos. Se realizó una electroforesis en gel de agarosa al 1% para evaluar la amplificación del ADN, que combinó 1.5 µL del ADN amplificado con 1.5 µL del buffer de siembra (Gel red), en una cámara electroforética horizontal (marca Bio Rad, modelo Mini Sub-Cell GT) que contenía tampón (TBE 1X) a 100 voltios (V) durante 20 minutos.

SECUENCIACIÓN Y ALINEACIÓN DE NUCLEÓTIDOS

El secuenciamiento fue realizado mediante electroforesis capilar utilizando un secuenciador de 24 capilares (Applied Biosystems 3500 XL) y se secuenció en dos etapas: utilizando el primer forward (F) para el primer paso y el primer reverse (R) para el segundo. Para visualizar las secuencias se utilizó un programa informático del secuenciador denominado Sequencing Analysis v3.5 y se ensamblaron usando BioEdit 7.1.9 (Hall, 1999).

IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES MEDIANTE EL BLASTn Y FILOGENIA

Las secuencias ensambladas fueron alineadas utilizando el programa ClustalW en el software MEGA v.11 (Tamura *et al.*, 2021), empleando la configuración por defecto para encontrar las secuencias consenso. Las secuencias *rbcl* de las especies vegetales estudiadas se compararon con las secuencias de consulta del GenBank para

determinar géneros y especies en función del porcentaje de identidad. Para evaluar la identificación de especies se empleó dos enfoques: a) las secuencias fueron analizadas mediante la herramienta básica de búsqueda de alineación local de nucleótidos (BLASTn), utilizando el banco de secuencias GenBank del Centro Nacional de Información Biotecnológica (National Center for Biotechnology Information, NCBI) (Zhang *et al.*, 2000; Ye *et al.*, 2006; Altschul *et al.*, 1990). Cuando un único género representaba todas las coincidencias con un porcentaje máximo de identidad superior al 95%, la identificación a nivel de género se consideraba satisfactoria (Bafeel *et al.*, 2012; Maloukh *et al.*, 2017).

Solo cuando una única especie representaba el mayor porcentaje de identidad y la puntuación de identificación era superior al 95%, la identificación de la especie se consideraba correcta (Groot *et al.*, 2011; Trujillo-Argueta *et al.*, 2022), b) el análisis filogenético se realizó a partir de la selección del mejor modelo evolutivo utilizando el software MEGA v11. La inferencia filogenética se llevó a cabo mediante el método de Máxima Verosimilitud (Maximum Likelihood, ML) (Felsenstein, 1981), implementado en raxml-GUI v2.0.10 (Edler *et al.*, 2021). De acuerdo con el Criterio de Información de Akaike (AIC) (Akaike, 1973), el modelo evolutivo seleccionado fue GTR + G + I.

El análisis ML incluyó 100 búsquedas independientes del árbol óptimo y un análisis de bootstrap exhaustivo (thorough bootstrap) con 1000 replicas para evaluar la solidez estadística de las ramas. Se empleó como especies outgroup a AF394348.1 *Zamia splendens*, OL537171.1 *Zamia pumila*, AF202959.1 *Zamia furfuracea*, pertenecientes a la familia Zamiaceae. La visualización y edición del árbol filogenético se realizaron mediante iTOL v6 (Letunic & Bork, 2024).

RESULTADOS

RIQUEZA DE LA FLORA RIBEREÑA EN LAS CUENCAS BAJAS NANAY, YANAYACU, UCAYALI Y MARAÑÓN

Se registraron un total de 193 individuos colectados e identificados, pertenecientes a 59 familias, 124 géneros y 160 especies, distribuidos a lo largo de aproximadamente 12 km de orilla en las cuencas bajas de los ríos Nanay, Yanayacu, Ucayali y Marañón (Suplemento 1). Las familias más representativas fueron Fabaceae, Rubiaceae, Melastomataceae, Poaceae, Passifloraceae y Moraceae (Figura 2, 3 y 4). El género con más riqueza de especies fue *Inga*, con seis especies, seguido por *Miconia* y *Palicourea*, con cinco especies cada uno, y *Passiflora* y *Ficus*, con cuatro especies cada uno (Tabla 2).

BLASTn DE SECUENCIAS NUCLEOTÍDICAS

Se obtuvieron un total de 193 secuencias parciales del gen *rbcl*, obtenidas originales de la investigación. Cada muestra había sido previamente identificada (ver metodología) y depositada en el Herbario Herrereense del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (Suplemento 1). Posteriormente, cada secuencia fue comparada mediante el algoritmo BLASTn del GenBank (NCBI), para evaluar la concordancia entre la identificación morfológica y la molecular.

De todos los especímenes analizados, las secuencias comparadas con GenBank coincidían al 100% (59/59) a nivel de familia, al 85,48% (106/124) a nivel de género y sólo al 41,87% (67/160) a nivel de especie. Del grupo de especies analizadas, el 58.13% (93/160) no contaba con registros previos en la base de datos taxonómica de GenBank, mientras que el 41.87% (67/160), ya disponía de registros, con una similitud >96%.

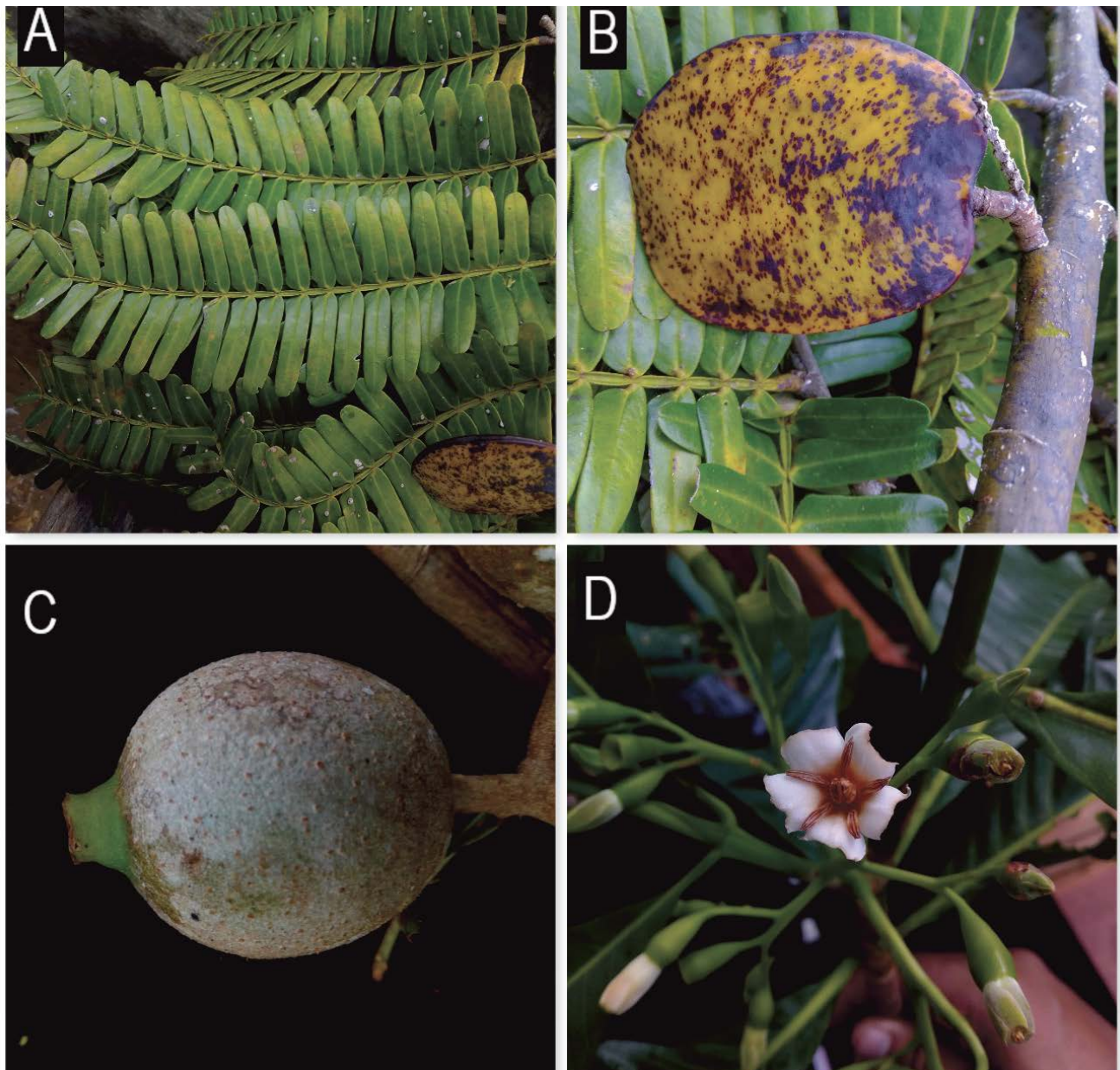


Figura 2. Fotografías de familias representativas. A. Hoja, B. Fruto. *Macrolobium acaciifolium* (Fabaceae). C. Fruto, D. Flor. *Genipa americana* (Rubiaceae). Fotos de: A-D: Hector J. Acho-Vasquez

Esto permitió lograr tener una buena resolución taxonómica a nivel de familia y género.

La mayoría de las secuencias de *rbcL* mostraron una alta similitud con los datos registrados en GenBank, alcanzando una identidad igual o superior al 96%. Específicamente, las especies con registros en la base de datos coincidieron al 100% en el análisis BLASTn con una única especie registrada: *Annona hypoglauca*, *Tilesia*

baccata, *Crateva tapia*, *Combretum laxum*, *Costus scaber*, *Tetracera volubilis*, *Omphalea diandra*, *Indigofera suffruticosa*, *Dalbergia monetaria*, *Inga umbellifera*, *Macrolobium acaciifolium*, *Macrolobium angustifolium*, *Mimosa pigra*, *Senna reticulata*, *Sida acuta*, *Cissampelos pareira*, *Muntingia calabura*, *Margaritaria nobilis*, *Gynerium sagittatum*, *Pontederia azurea*, *Palicourea croceoides*, *Sommeria sabiceoides*, *Salix*

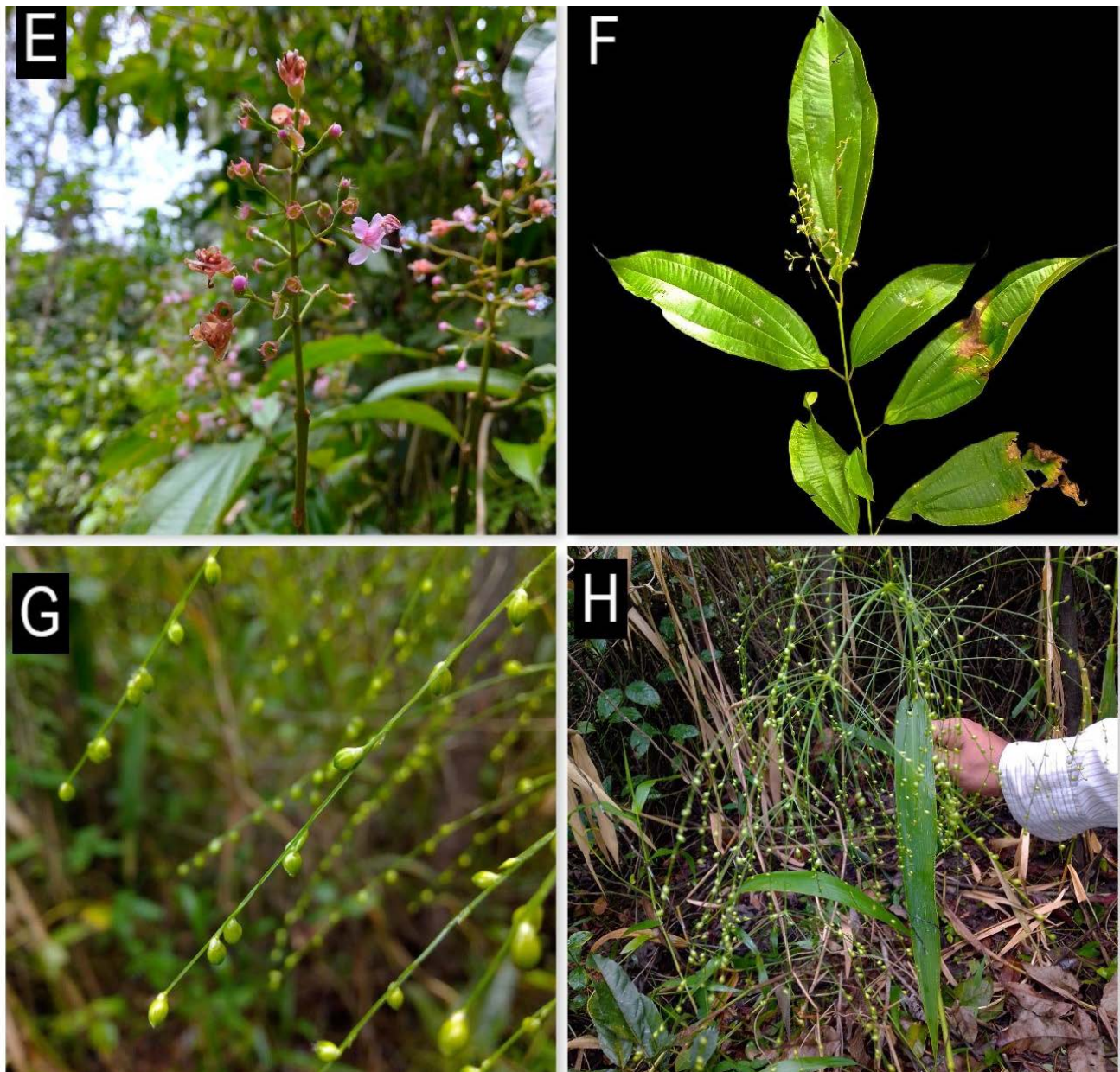


Figura 3. Fotografías de familias representativas: E. Flores, F. Rama y hojas. *Miconia tocoaudata* (Melastomataceae,). G. Frutos, H. Inflorescencia y hojas. *Stephostachys mertensii* (Poaceae). Fotos de: E-H: Hector J. Acho-Vasquez

humboldtiana, *Pouteria guianensis*, *Simaba guianensis* y *Cissus erosa*.

Por otro lado, especies como *Guazuma ulmifolia*, *Pachira insignis*, *Virola sebifera*, *Piper arboreum*, *Moutabea aculeata*, *Symmeria paniculata* y *Psychotria mapourioides* alcanzaron una identidad superior al 98%, mientras que la menor identidad registrada fue del 96% (*Potalia*

resinifera). En conjunto, estos resultados evidencian una alta capacidad de resolución del marcador *rbcl* a nivel de familia y género, y una resolución variable a nivel especie, influenciada principalmente por la disponibilidad de secuencias previamente registradas en el GenBank (Suplemento 2, Figura 5).



Figura 4. Fotografías de familias representativas: I. Flor, J. Fruto. *Passiflora quadriglandulosa* (Passifloraceae). K. Fruto, L. Corte transversal de inflorescencia. *Ficus citrifolia* (Moraceae). Fotos de: I-L: Hector J. Acho-Vasquez.

FILOGENIA DE PLANTAS RIBEREÑAS

El análisis filogenético reveló una estructura general altamente congruente, en la que todas las especies se agruparon dentro de sus respectivas familias sin incongruencias evidentes (Figura 6). Dentro de las familias, se observaron valores de soporte bootstrap de moderados a altos (>50%),

respaldando la cohesión evolutiva interna. Por ejemplo: en Fabaceae, las relaciones filogenéticas entre géneros como *Inga* y *Zygia* muestran altos valores de soporte 74%, mientras que géneros como *Macrolobium*, *Andira* y *Dalbergia* alcanzan valores de bootstrap superiores al 82%, lo que indica un respaldo robusto para las relaciones filogenéticas dentro de esta familia.

Tabla 2. Número de individuos, familias, géneros y especies de plantas ribereñas colectadas en el año 2022 en las cuencas bajas de los ríos Nanay, Yanayacu, Marañón y Ucayali.

Puntos de colectas	Tipo de agua	N° individuos	N° familias	N° géneros	N° especies	Familias mejor representadas	Géneros de familias mejor representadas
Nanay	Agua negra	55	30	45	53	Fabaceae Rubiaceae Melastomataceae	<i>Inga</i> <i>Psychotria</i> <i>Miconia</i>
Yanayacu	Agua negra	64	34	54	61	Fabaceae Rubiaceae Poaceae	<i>Mimosa</i> <i>Palicourea</i> <i>Paspalum</i>
Marañón	Agua blanca	39	27	36	38	Poaceae Fabaceae Moraceae	<i>Inga</i>
Ucayali	Agua blanca	35	25	33	35	Fabaceae Poaceae Passifloraceae	<i>Passiflora</i>

La familia Poaceae también destaca por su consistencia filogenética, con géneros como *Panicum*, *Paspalum* y *Hymenachne* agrupándose con valores de bootstrap mayores al 77%, y un soporte del 100% a nivel familiar, lo que refuerza la cohesión dentro de este grupo. En Rubiaceae se observa un buen soporte filogenético entre sus géneros, con valores sólidos en torno al 75%. Géneros como *Palicourea* y *Psychotria* destacan con valores de bootstrap del 77%, lo que refuerza la consistencia de las relaciones filogenéticas dentro del grupo. Además, *Faramea* presenta una alta consistencia filogenética, con un valor de bootstrap del 76% frente a *Palicourea*. Juntos, estos tres géneros alcanzan un valor de consistencia del 95%. No obstante, otros géneros dentro de esta familia, como *Sommeria*, *Bothriopsis*, *Genipa* y *Duroia*, muestran un soporte filogenético más moderado, con valores de bootstrap cercanos al 54%.

En Melastomataceae, se destaca un valor de bootstrap del 99% entre los géneros *Mouriri*, *Henriettea* y *Miconia*, lo que refuerza la cohesión dentro de esta familia. Por su parte, Passifloraceae sobresale por su único género, *Passiflora*, que alcanza un valor de bootstrap del 100%, lo que

indica una fuerte consistencia filogenética en las especies analizadas.

Un aspecto particularmente relevante es el comportamiento de las ramas terminales del árbol. En todos los casos donde una especie estuvo representada por más de un individuo, estos se agruparon en la misma rama terminal, y en varios casos las secuencias resultaron idénticas. Este patrón indica consistencia intraespecífica del marcador. Solo se detectó un caso de solapamiento específico: *Costus scaber* y *C. arabica* compartieron la misma rama terminal. Esta proximidad sugiere que *rbcl* no siempre posee suficiente variabilidad para discriminar especies estrechamente relacionadas, especialmente en linajes recientes o con divergencia genética reducida. No obstante, el número de especies representadas por múltiples individuos fue limitado y el muestreo no cubrió la totalidad de la flora ribereña, lo que impide cuantificar formalmente la tasa de discriminación específica del marcador. Aun así, los ejemplos disponibles indican que *rbcl* mantiene coherencia intraespecífica y una separación adecuada entre la mayoría de las especies muestreadas, con excepciones puntuales en taxones cercanos. Esto refuerza la

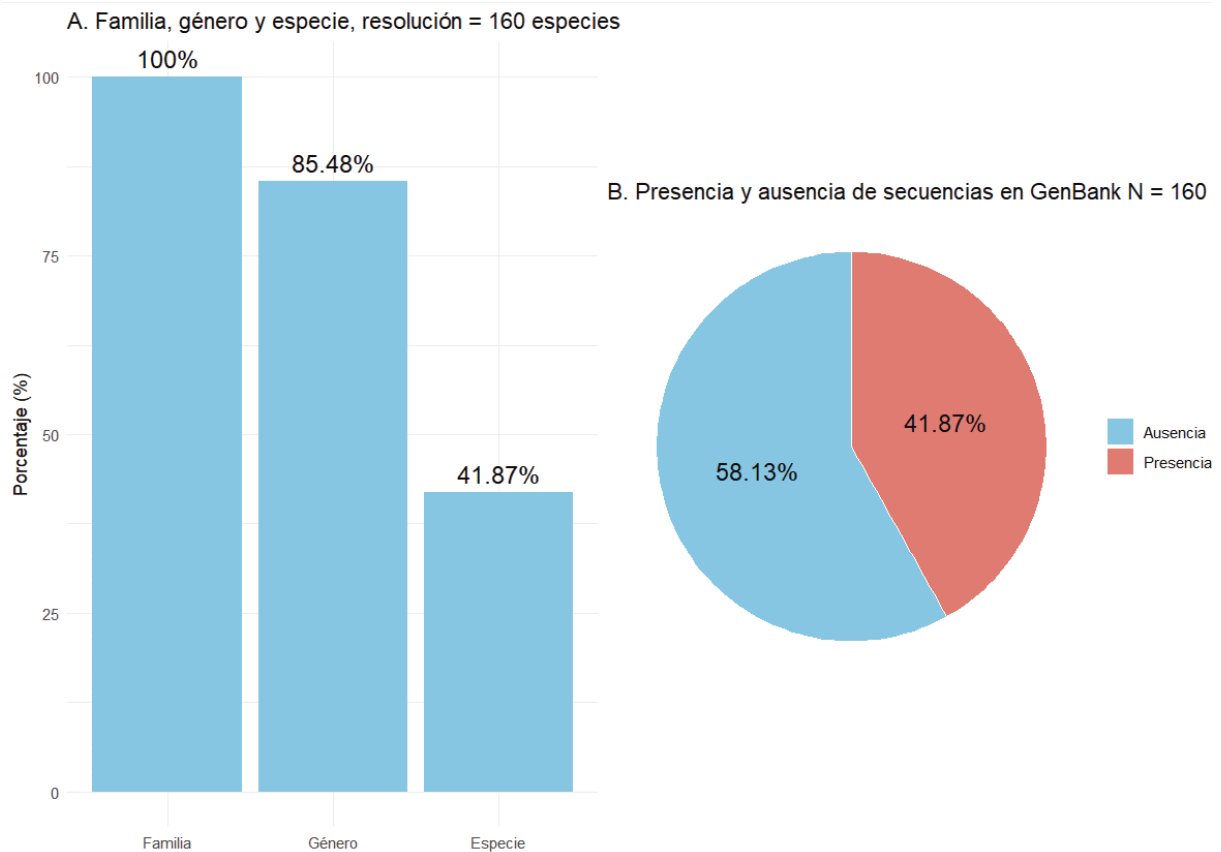


Figura 5. -A) Resolución a nivel de familia, género y especies con secuencia previas en el GenBank mediante BLASTn, B) Nuevas secuencias publicadas en el Genbank utilizando el marcador *rbcl* (consultada en abril del 2025).

robustez del marcador *rbcl* a nivel de familia y género, confirmando su eficacia para el estudio filogenético en plantas ribereñas de la Amazonia peruana.

DISCUSIÓN

RIQUEZA TAXONÓMICA

El inventario realizado en las cuencas bajas de los ríos Nanay, Yanayacu, Marañón y Ucayali permitió registrar 59 familias, 124 géneros y 160 especies de plantas ribereñas. Si bien el muestreo no fue diseñado como un estudio florístico exhaustivo ni orientado a evaluar variación espacial en la composición, los taxones identificados proporcionan un panorama representativo de

los grupos presentes en los sitios de colecta al momento del muestreo. Las familias con mayor representación fueron Fabaceae, Rubiaceae, Poaceae, Melastomataceae, Apocynaceae y Moraceae; esta presencia coincide con patrones ampliamente documentados para bosques de tierras bajas neotropicales en estudios realizados por Gentry (1988), Gentry & Ortiz (1993) y Puhakka *et al.* (1992), quienes reportaron que un conjunto relativamente consistente de familias domina la riqueza de especies en bosques amazónicos de baja latitud, entre ellas Fabaceae, Lauraceae, Annonaceae, Rubiaceae y Moraceae. De manera similar, investigaciones en zonas ribereñas de Brasil (Ferreira *et al.*, 2010; Parolin *et al.*, 2013; Carim *et al.*, 2017), han reportado la importancia de familias como Fabaceae,

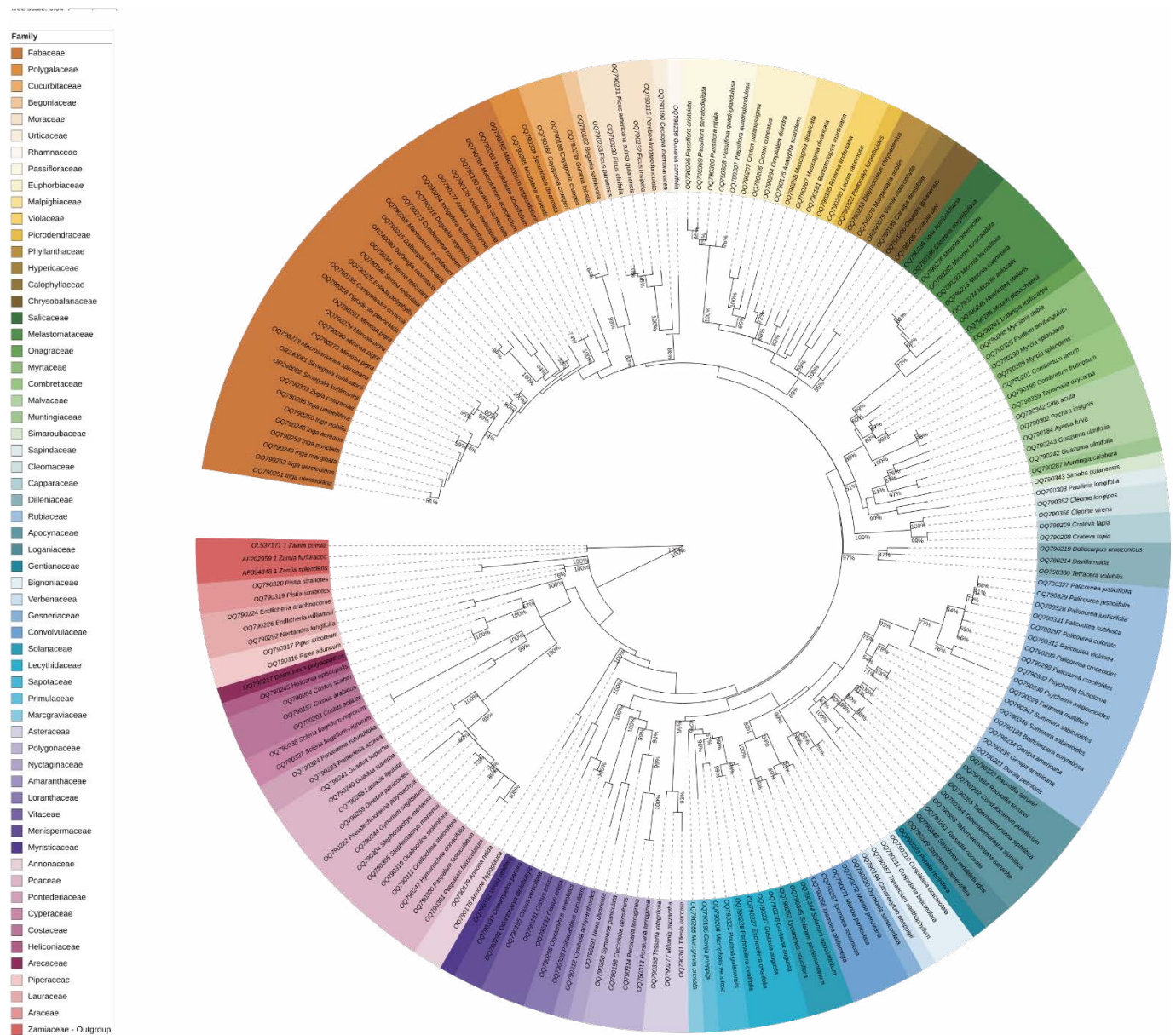


Figura 6. Árbol filogenético de las plantas ribereñas presentes en la cuenca baja de los ríos Nanay, Yanayacu, Marañón y Ucayali, inferido a partir del marcador *rbcL* mediante el método de Máxima Verosimilitud (ML), bajo el modelo GTR+G+I.

Myristicaceae, Lecythidaceae, Euphorbiaceae y Meliaceae en ecosistemas sujetos a dinámica fluvial. Similarmente, estudios en el río Utcubamba en Perú han documentado la presencia de familias como Fabaceae, Poaceae, Asteraceae y Lamiaceae (Torres, 2018). Aunque algunas de estas familias estuvieron escasamente representadas en nuestro muestreo, su presencia refuerza la afinidad florística de los sitios evaluados con otros

sistemas ribereños amazónicos. Es importante enfatizar que las diferencias en representación relativa entre estudios pueden estar asociadas al esfuerzo de muestreo, al número de individuos colectados y a la disponibilidad de material fértil para identificación. En este sentido, los resultados obtenidos no pretenden describir la estructura florística de las cuencas, sino aportar un marco taxonómico confiable que sustente la

evaluación del marcador *rbcl* en la identificación molecular de plantas ribereñas.

BLASTn Y ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Los resultados obtenidos evidencian las ventajas y limitaciones del marcador *rbcl*, como herramienta de identificación. La discriminación taxonómica fue óptima a nivel de familia (100%) y alta a nivel de género (85,48%), mientras que a nivel de especie fue baja (41,87%). Este patrón no solo refleja la naturaleza conservada del gen *rbcl*, sino también la disponibilidad de secuencias de referencia en el GenBank. Más de la mitad de las especies analizadas (58,13%) carecían de registros previos en el GenBank, lo que limita la posibilidad de asignación taxonómica. En varios casos, las incongruencias observadas en BLASTn pueden atribuirse a esta subrepresentación taxonómica. Un ejemplo es *Desmoncus polyacanthos*, previamente identificado morfológicamente, cuya secuencia mostró 100% de identidad con *Geonoma longivaginata*. Esta coincidencia probablemente refleja tanto la escasez de secuencias disponibles del taxón correcto, como la baja variabilidad interespecífica del marcador dentro de Arecaceae (Suplemento 2, Figura 5). Este comportamiento es consistente con lo reportado en otros estudios. Investigaciones en plantas vasculares de México reportaron 80,77% de identificación a nivel de género y solo 15,38% a nivel de especie (Trujillo-Argueta *et al.*, 2022), mientras que, en la flora local de Canadá, alcanzó 91% en géneros y 44% en especies (Braukmann *et al.*, 2017). En este contexto, nuestros resultados se sitúan dentro del rango esperado para un marcador cloroplástico conservado. Aunque GenBank constituye una plataforma accesible y funcional para comparación de secuencias, su utilidad depende directamente de la representatividad taxonómica disponible (Choi *et al.*, 2022).

Aun así, el análisis filogenético aporta una perspectiva evolutiva complementaria. La topología general obtenida mediante *rbcl* mostró una alta congruencia con la clasificación de angiospermas propuesta por APG IV (The Angiosperm Phylogeny Group, 2016). A nivel de familia, la correspondencia fue completa: todos los taxones se agruparon dentro de sus respectivos clados sin incongruencias evidentes. Esta consistencia confirma que *rbcl* conserva adecuadamente la señal evolutiva profunda y es particularmente robusto para resolver relaciones en niveles taxonómicos superiores (Jones *et al.*, 2021; Chinnkar & Jadhav, 2023; Sevindik *et al.*, 2024). A nivel género, los valores de soporte bootstrap moderados a altos refuerzan la cohesión evolutiva de los principales clados, evidenciando que el marcador no solo distingue familias, sino que también mantiene una estructura interna coherente a nivel de la mayoría de las especies (Maloukh *et al.*, 2017; Yao *et al.*, 2019). Este resultado es especialmente relevante porque demuestra que, aun siendo conservado, *rbcl* retiene suficiente variación para reflejar patrones evolutivos intergenéricos.

Un aspecto particularmente informativo se observa en las ramas terminales del árbol. En todos los casos, donde una misma especie estuvo representada por más de un individuo, estos se agruparon en la misma rama terminal y, en varios casos, presentaron secuencias idénticas. Esto indica consistencia intraespecífica del marcador. Sin embargo, se detectó al menos un caso de solapamiento específico: *Costus scaber* y *C. arabica* compartieron la misma rama terminal. Este patrón sugiere que *rbcl* puede carecer de suficiente variabilidad para discriminar especies estrechamente relacionadas o de divergencia reciente (Vere *et al.*, 2015; Boer *et al.*, 2022; Kenfack *et al.*, 2022; Chinnkar & Jadhav, 2023; Sevindik *et al.*, 2024). Es importante señalar que el número de especies representadas por múltiples individuos fue limitado y que el

muestreo no abarcó la totalidad de la flora ribereña, lo que impide estimar cuantitativamente la tasa de discriminación específica del marcador. No obstante, los ejemplos disponibles permiten afirmar que *rbcl* mantiene coherencia intraespecífica y adecuada separación entre la mayoría de las especies muestreadas, con excepciones puntuales en taxones cercanos. En conjunto, nuestros resultados confirman que *rbcl* es altamente eficaz para la identificación y estructuración filogenética a nivel de familia y género, pero presenta limitaciones en la delimitación específica cuando la divergencia genética interespecífica es reducida. Este patrón coincide con estudios que recomiendan el uso de marcadores complementarios más variables, como *ITS*, *matK* o *trnH-psbA*, para mejorar la resolución específica (Kress & Erickson, 2007; Yu *et al.*, 2021; Boer *et al.*, 2022). Como señala Nadiya *et al.* (2023), la combinación de loci incrementa significativamente el poder discriminatorio en grupos con baja divergencia.

Por tanto, en el contexto de la flora ribereña amazónica, *rbcl* se consolida como un marcador robusto para la identificación a niveles taxonómicos superiores y para la recuperación de relaciones filogenéticas consistentes entre linajes, mientras que su uso aislado en la delimitación específica debe interpretarse con cautela y, de ser posible, complementarse con otros marcadores de mayor tasa evolutiva.

CONCLUSIÓN

El presente estudio generó 193 secuencias del marcador *rbcl* correspondientes a 160 especies de plantas ribereñas de cuatro cuencas bajas amazónicas, de las cuales 93 constituyen nuevos registros en GenBank. Este aporte amplía la representatividad molecular de la flora ribereña amazónica en bases de datos públicos y fortalece futuras investigaciones comparativas. Los resultados indican que *rbcl* presenta alta eficacia en

la discriminación taxonómica a nivel de familia y género, respaldada por los análisis BLASTn y la congruencia filogenética con la clasificación APG IV.

Asimismo, el agrupamiento consistente de individuos conspecíficos en las ramas terminales del árbol filogenético respalda la estabilidad intraespecífica del marcador. No obstante, su capacidad para diferenciar especies estrechamente relacionadas fue limitada en algunos casos, lo que confirma su naturaleza conservada y su resolución reducida a nivel específico.

En conjunto, *rbcl* se consolida como una herramienta robusta para estudios de identificación molecular y análisis filogenéticos de amplio alcance taxonómico en flora ribereña amazónica. Sin embargo, para lograr una delimitación específica más precisa, especialmente en linajes de divergencia reciente, se recomienda su uso complementario con marcadores más variables como *ITS*, *matK* o *trnH-psbA*. Estos resultados evidencian la importancia de integrar herramientas moleculares con la identificación morfológica tradicional, especialmente en los bosques amazónicos donde muchas especies aún no cuentan con secuencias de referencia en bases de datos genéticas públicas.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica - CONCYTEC a través del Programa Nacional de Investigación Científica y Estudios Avanzados - PROCIENCIA, por financiar y hacer posible la ejecución, como parte del proyecto “Efectos antropogénicos sobre la biodiversidad en la Amazonia peruana evaluadas mediante el uso del ADN ambiental (eDNA) - Contrato 074-2021” para el fortalecimiento de las actividades de caracterización molecular de plantas ribereñas en la región Loreto, como

base para la implementación de ADN ambiental (eDNA) en la amazonia peruana”.

El primer autor da un reconocimiento especial a sus asesores, bióloga Nállarett Cardozo Dávila, Dra. (†), y bióloga Felicia Diaz Jarama, Dra. (†), por su invaluable guía y consejo durante el inicio de esta investigación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akaike, H. 1973. *Information Theory and an Extension of the Maximum Likelihood Principle*. Akademiai Kiado.
- Altschul, S.F.; Gish, W.; Miller, W.; Myers, E.W.; Lipman, D.J. 1990. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215(3): 403-410 DOI: [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)
- Alvarez-Montalván, C.E.; Manrique-León, S.; Fonseca, M.V.-D.; Cardozo-Soarez, J.; Callo-Ccorcca, J.; Bravo-Camara, P.; Castañeda-Tinco, I.; Alvarez-Orellana, J. 2021. Floristic composition, structure and tree diversity of an amazon forest in Peru *Scientia Agropecuaria*, 12(1): 73-82 DOI: <https://doi.org/10.17268/SCI.AGROPECU.2021.009>
- Bafeel, S.O.; Arif, I.A.; Bakir, M.A.; Homaidan, A.A.A.; Farhan, A.H.A.; Khan, H.A. 2012. DNA barcoding of arid wild plants using *rbcl* gene sequences. *Genetics and molecular research : GMR*, 11(3): 1934-1941 DOI: <https://doi.org/10.4238/2012.July.19.12>
- Benson, D.A.; Clark, K.; Karsch-Mizrachi, I.; Lipman, D.J.; Ostell, J.; Sayers, E.W. 2014. GenBank *Nucleic Acids Research*, 42(D1): D32-D37 DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkt1030>
- Beschta, R.L.; Ripple, W.J. 2012. The role of large predators in maintaining riparian plant communities and river morphology. *Geomorphology*, 157-158: 88-98 DOI: <https://doi.org/10.1016/j.geomorph.2011.04.042>
- Boer, H.D.; Orwick, M.; Verstraete, R.B.; Gravendeel, B. 2022. Chapter 10: DNA barcoding. *Molecular identification of plants: from sequence to species*
- Braukmann, T.W.A.; Kuzmina, M.L.; Sills, J.; Zakharov, E.V.; Hebert, P.D.N. 2017. Testing the efficacy of DNA barcodes for identifying the vascular plants of Canada *PLoS ONE*, 12(1) DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0169515>
- Carim, M.J.V.; Jardim, M.A.G.; Medeiros, T.D.S. 2008. Composição Florística e Estrutura de Floresta de Várzea no Município de Mazagão, Estado do Amapá, Brasil Floristic composition and structure of a floodplain forest in the municipality of Mazagão, State of Amapá, Brazil. *Scientia Forestalis*, 36: 191-201
- Carim, M.J.V.; Wittmann, F.K.; Piedade, M.T.F.; Guimarães, J.R. da S.; Tostes, L. de C.L. 2017. Composition, diversity, and structure of tidal “Várzea” and “Igapó” floodplain forests in eastern Amazonia, Brazil. *Revista Brasileira de Botanica*, 40(1): 115-124 DOI: <https://doi.org/10.1007/s40415-016-0315-6>
- Chinnkar, M.; Jadhav, P. 2023. Evaluating DNA barcoding using five loci (matK, ITS, trnH-psbA, rpoB, and rbcl) for species identification and phylogenetic analysis of *Capsicum frutescens*. *Journal of Applied Biology and Biotechnology*, 11(3): 97-103. DOI: <https://doi.org/10.7324/JABB.2023.57526>
- Choi, B.S.; Choi, S.K.; Kim, N.S.; Choi, I.Y. 2022. NBLAST: a graphical user interface based two-way BLAST software with a dot plot viewer *Genomics and Informatics*, 20(3) DOI: <https://doi.org/10.5808/gi.22053>
- Diaz Soria, R.; Honorio Coronado, E.N.; Aldana, D.; Del Castillo Torres, D.; Hidalgo Pizango, G.; Angulo Chavez, C.; Mejía De Loayza, E.; Castro-Ruiz, D.; Flores Silva, M.; Renno, J.-F.; García-Dávila, C. 2019. Evaluación de la variabilidad genética de shihuahuaco Dipteryx ferrea (Ducke) Ducke en la Amazonía peruana,

- mediante marcadores microsatélites. *Folia Amazónica*, 28(1): 53-64 DOI: <https://doi.org/10.24841/fa.v28i1.475>
- Díaz, W.; Daza, F. 2012. Estudio De La Composición Florística Y Estructura Del Bosque Ribereño Del Caño Kani, Afluente del río Caura, Estado Bolívar, Venezuela *ERNSTIA*, 21(2): 111-129
- Doyle, J.J.; Doyle, J.L. 1987. Isolation of plant DNA from fresh tissue *Focus*, 13-15
- Edler, D.; Klein, J.; Antonelli, A.; Silvestro, D. 2021. raxmlGUI 2.0: A graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML *Methods in Ecology and Evolution*, 12(2): 373-377 DOI: <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13512>
- Felsenstein, J. 1981. Evolutionary Trees from DNA Sequences: A Maximum Likelihood Approach. *Journal of Molecular Evolution*, 17: 368-376
- Ferreira, V.F.; Almeida, S.S.; Parolin, P. 2010. Amazonian white and black water floodplain forest in Brazil: Large differences on a small scale. *Ecotropica*, 16: 31-41
- Fischer, S.; Greet, J.; Walsh, C.J.; Catford, J.A. 2021. Flood disturbance affects morphology and reproduction of woody riparian plants *Scientific Reports*, 11(1) DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-021-95543-0>
- Flores, B.M.; Montoya, E.; Sakschewski, B.; Nascimento, N.; Staal, A.; Betts, R.A.; Levis, C.; Lapola, D.M.; Esquivel-Muelbert, A.; Jakovac, C.; Nobre, C.A.; Oliveira, R.S.; Borma, L.S.; Nian, D.; Boers, N.; Hecht, S.B.; Steege, H. ter; Arieira, J.; Lucas, I.L.; Berenguer, E.; Marengo, J.A.; Gatti, L.V.; Mattos, C.R.C.; Hirota, M. 2024. Critical transitions in the Amazon forest system *Nature*, 626(7999): 555-564 DOI: <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06970-0>
- Garden, M.B. 2023. *Tropicos* (www.tropicos.org). Acceso: 29/04/2025
- Gentry, A. 1996. *A field guide to the families and genera forests of woody plants of northwest South America (Colombia, Ecuador y Peru)*. University of Chicago Press. 11-849pp
- Gentry, A.H. 1988. Changes in Plant Community Diversity and Floristic Composition on Environmental and Geographical Gradients. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 75(1): 1-34 DOI: <https://doi.org/10.2307/2399464>
- Gentry, A.H.; Ortiz, R.S. 1993. Patrones de composición florística en la amazonia peruana. *Amazonía Peruana: Vegetación Tropical en el llano subandino*. Proyecto Amazonía - Universidad de Turku, Oficina Nacional de Recursos Naturales y Agencia Internacional de Finlandia de Cooperación para el Desarrollo (FINNID) Finlandia. p. 154-166
- Groot, G.A. de; During, H.J.; Maas, J.W.; Schneider, H.; Vogel, J.C.; Erkens, R.H.J. 2011. Use of *rbcl* and *trnL-F* as a two-locus DNA barcode for identification of NW-European ferns: An ecological perspective. *PLoS ONE*, 6(1). DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016371>
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT *Nucleic Acids Symposium Series*, 41: 95-98
- Hebert, P.D.N.; Ratnasingham, S.; Waard, J.R. de. 2003. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(suppl_1) DOI: <https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0025>
- Hollingsworth, M.L.; Andra Clark, A.; Forrest, L.L.; Richardson, J.; Pennington, R.T.; Long, D.G.; Cowan, R.; Chase, M.W.; Gaudeul, M.; Hollingsworth, P.M. 2009. Selecting barcoding loci for plants: evaluation of seven candidate loci with species-level sampling in three divergent groups of land plants *Molecular Ecology Resources*, 9(2): 439-457 DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2008.02439.x>
- Jones, L.; Twyford, A.D.; Ford, C.R.; Rich, T.C.G.; Davies, H.; Forrest, L.L.; Hart, M.L.; McHaffie,

- H.; Brown, M.R.; Hollingsworth, P.M.; Vere, N. de. 2021. Barcode UK: A complete DNA barcoding resource for the flowering plants and conifers of the United Kingdom. *Molecular Ecology Resources*, 21(6): 2050-2062 DOI: <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13388>
- Kenfack, D.; Abiem, I.; Chapman, H. 2022. The Efficiency of DNA Barcoding in the Identification of Afrotropical Forest Tree Species *Diversity*, 14(4) DOI: <https://doi.org/10.3390/d14040233>
- Kress, W.J.; Erickson, D.L. 2007. A Two-Locus Global DNA Barcode for Land Plants: The Coding *rbcl* Gene Complements the Non-Coding *trnH-psbA* Spacer Region *PLoS ONE*, 2(6): e508 DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000508>
- Kress, W.J.; Wurdack, K.J.; Zimmer, E.A. 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Plant Biology*, 102(23)8369-8374. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0503123102>
- Kvist, L.P.; Nebel, G. 2001. A review of Peruvian Food plain forests: ecosystems, inhabitants and resource use *Forest Ecology and Management*, 150: 3-26
- Letunic, I.; Bork, P. 2024. Interactive Tree of Life (iTOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool *Nucleic Acids Research*, DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkae268>
- Levin, R.A.; Wagner, W.L.; Hoch, P.C.; Nepokroeff, M.; Pires, J.C.; Zimmer, E.A.; Sytsma, K.J. 2003. Family-level relationships of Onagraceae based on chloroplast *rbc L* and *ndh F* data *American Journal of Botany*, 90(1): 107-115 DOI: <https://doi.org/10.3732/ajb.90.1.107>
- Linares-Palomin, R.; Huamantupa-Chuquimac, I.; Padrón, E.; Torre-Cuadros, M.D.L.Á.L.; Roncal-Rabanal, M.; Choquecota, N.; Collazos, L.; Elejalde, R.; Vergara, N.; Marcelo-Peña, J.L. 2022. The seasonally dry forests of Peru: A re-analysis of their diversity patterns and floristic relationships *Revista Peruana de Biología*, 29(4) DOI: <https://doi.org/10.15381/rpb.v29i4.21613>
- Maloukh, L.; Kumarappan, A.; Jarrar, M.; Salehi, J.; El-wakil, H.; Lakshmi, T.V.R. 2017. Discriminatory power of *rbcl* barcode locus for authentication of some of United Arab Emirates (UAE) native plants *3 Biotech*, 7(2) DOI: <https://doi.org/10.1007/s13205-017-0746-1>
- Martinez, R.V.; Rudas, A.; Taylor, L.; Taylor, C.M. 1999. Florula de las Reservas Biológicas de Iquitos, Peru. *Brittonia*, 51(1): 113 DOI: <https://doi.org/10.2307/2666566>
- Mendoza-Cariño, M.; Cruz-Flores, G.; Cariño, D.M. 2023. Gallery forest and riparian ecosystem health. *Madera y Bosques*, DOI: <https://doi.org/10.21829/myb.2023.2912387>
- MINAM. 2019. *Mapa nacional de cobertura vegetal del Perú: Memoria descriptiva*. 108pp
- Myster, R. W. 2018. *Igapó (Black-water flooded forests) of the Amazon Basin*, *Igapó (Black-water flooded forests) of the Amazon Basin*. Springer International Publishing. 20-310pp. DOI: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-90122-0>
- Nadiya, F.; Aryasree, R.; Sreelekshmy, C.; Jinsha, P.T.; Nair, A.J.; Gangaprasad, A.; Rajalakshmi, R. 2023. Conservation and molecular identification of traditional rice varieties collected from Kerala using *matK* and *rbcl* DNA barcode markers *Ecological Genetics and Genomics*, 29: 100207 DOI: <https://doi.org/10.1016/j.egg.2023.100207>
- Nebel, G.; Kvist, L.P.; Vanclay, J.K. 2001. Forest dynamics in food plain forests in the Peruvian Amazon: effects of disturbance and implications for management *Forest Ecology and Management*, 79-92
- Omonhinmin, C.A.; Olomukoro, E.E.; Onuselogu, C.C.; Popoola, J.O.; Oyejide, S.O. 2023. *rbcl* gene dataset on intra-specific genetic variability and phylogenetic relationship of *Crassocephalum*

- crepidioides (Benth) S. Moore. (Asteraceae) in Nigeria. *Data in Brief*, 48. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.dib.2023.109266>
- Omonhinmin, C.; Onuselogu, C. 2022. *rbcl* gene in global molecular data repository. *Data in Brief*, 42: 108090. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.dib.2022.108090>
- Parolin, P.; Wittmann, F.; Ferreira, L. V. 2013. Fruit and seed dispersal in Amazonian floodplain trees - A review *ECOTROPICA*, 19: 15-32
- Pinto, K. 2018. *Influencia del bosque ribereño en la estructura y composición de la comunidad de macroinvertebrados bentónicos en nueve quebradas como bioindicadores - Madre de Dios*. Tesis de pregrado. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco.
- Poorter, L.; Sande, M.T.van der; Thompson, J.; Arets, E.J.M.M.; Alarcón, A.; Álvarez-Sánchez, J.; Ascarrunz, N.; Balvanera, P.; Barajas-Guzmán, G.; Boit, A.; Bongers, F.; Carvalho, F.A.; Casanoves, F.; Cornejo-Tenorio, G.; Costa, F.R.C.; Castilho, C.V. de; Duivenvoorden, J.F.; Dutrieux, L.P.; Enquist, B.J.; Fernández-Méndez, F.; Finegan, B.; Gormley, L.H.L.; Healey, J.R.; Hoosbeek, M.R.; Ibarra-Manríquez, G.; Junqueira, A.B.; Levis, C.; Licona, J.C.; Lisboa, L.S.; Magnusson, W.E.; Martínez-Ramos, M.; Martínez-Yrizar, A.; Martorano, L.G.; Maskell, L.C.; Mazzei, L.; Meave, J.A.; Mora, F.; Muñoz, R.; Nytch, C.; Pansonato, M.P.; Parr, T.W.; Paz, H.; Pérez-García, E.A.; Rentería, L.Y.; Rodríguez-Velazquez, J.; Rozendaal, D.M.A.; Ruschel, A.R.; Sakschewski, B.; Salgado-Negret, B.; Schiatti, J.; Simões, M.; Sinclair, F.L.; Souza, P.F.; Souza, F.C.; Stropp, J.; Steege, H.ter; Swenson, N.G.; Thonicke, K.; Toledo, M.; Uriarte, M.; Hout, P.van der; Walker, P.; Zamora, N.; Peña-Claros, M. 2015. Diversity enhances carbon storage in tropical forests. *Global Ecology and Biogeography*, 24(11): 1314-1328 DOI: <https://doi.org/10.1111/geb.12364>
- Protopopova, M.V.; Shvetsova, N.A.; Pavlichenko, V.V. 2021. *The perspectives for DNA barcoding of *Rhaponticum carthamoides* (Willd.) Iljin using *rbcl* gene sequence*. IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. IOP Publishing Ltd DOI: <https://doi.org/10.1088/1755-1315/908/1/012030>
- Puhakka, M.; Kalliola, R.; Rajasilta, M.; Salo, J. 1992. River Types, Site Evolution and Successional Vegetation Patterns in River types, site evolution and successional vegetation patterns in Peruvian Amazonia. *Journal of Biogeography* 19(06): 651-665.
- REFLORA. 2023. *Brasil de Plantas: Rescate Histórico y Herbario Virtual para el Conocimiento y Conservación de la Flora e Funga do Brasil* (<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora>). Acceso: 29/04/2025.
- Ricker, M. 2014. *Manual para realizar las colectas botánicas del Inventario Nacional Forestal y de Suelos*. Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). 41pp
- Rosyidianaputri, A.; Arkana, G.; Maulana, H.A.; Kavitarina, S.A.; Yugo, R.; Maulana, N.; Wisam, M.; Sakti, W.; Turhadi, T.; Fatchiyah, F. 2023. Phylogenetic construction of Green Algae Based on the *rbcl* Gene *Journal of Smart Bioprospecting and Technology*, DOI: <https://doi.org/10.21776/ub.jsmartech.2023.004.01.25>
- Sakschewski, B.; Bloh, W.V.; Boit, A.; Poorter, L.; Peña-Claros, M.; Heinke, J.; Joshi, J.; Thonicke, K. 2016. Resilience of Amazon forests emerges from plant trait diversity *Nature Climate Change*, 6(11): 1032-1036 DOI: <https://doi.org/10.1038/nclimate3109>
- Sevindik, E.; Korkom, Y.; Murathan, Z.T. 2024. Evaluating DNA barcoding using cpDNA matK and *rbcl* for species identification and phylogenetic analysis of *Prunus armeniaca* L. (Rosaceae) genotypes *Genetic Resources and Crop Evolution*, 71(5): 1825-1835 DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01748-9>

- Souza, S. do N.G.; Batista, D.M.; Quaresma, A.C.; Costa, A.L.; Demarchi, L.O.; Albuquerque, B.W.; Klein, V.P.; Feitoza, G.; Resende, A.F.; Mori, G.B.; Wittmann, F.; Oliveira, L.L.; Mortati, A.F.; Cunha, A.C.da; Schongart, J.; Lopes, A.; Piedade, M.T.F.; André, T. 2024. Soil flooding filters evolutionary lineages of tree communities in Amazonian riparian forests *Ecology and Evolution*, 14(7) DOI: <https://doi.org/10.1002/ece3.11635>
- Suarez, D.R.; Rozendaal, D.M.A.; Sy, V.D.; Decuyper, M.; Málaga, N.; Montesinos, P.D.; Olivos, A.A.; Paiva, R.D. la C.; Martius, C.; Herold, M. 2023. Forest disturbance and recovery in Peruvian Amazonia *Global Change Biology*, 29(13): 3601-3621 DOI: <https://doi.org/10.1111/gcb.16695>
- Tamura, K.; Stecher, G.; Kumar, S. 2021. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11 *Molecular Biology and Evolution*, 38(7): 3022-3027 DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- The Angiosperm Phylogeny Group. 2016. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 181: 1-20
- Torres, Ó.A.G. 2018. Calidad del bosque de ribera en la cuenca del río Utcubamba, Amazonas, Perú *Arnaldoa*, 25(2) DOI: <https://doi.org/10.22497/arnaldoa.252.25218>
- Trujillo-Argueta, S.; Castillo, R.F.D.; Velasco-Murguía, A. 2022. Testing the effectiveness of *rbcl* DNA-barcoding for species discrimination in tropical montane cloud forest vascular plants (Oaxaca, Mexico) using BLAST, genetic distance, and tree-based methods. *PeerJ*, 10 DOI: <https://doi.org/10.7717/peerj.13771>
- Vere, N.D.; Rich, T.C.G.; Trinder, S.A.; Long, C. 2015. DNA barcoding for plants. *Methods in Molecular Biology*, 1245: 101-118 DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1966-6_8
- WFO. 2023. World Flora Online (<https://www.worldfloraonline.org/>) Acceso 29/04/2025.
- Wittmann, F.; Householder, J.E.; Piedade, M.T.F.; Schöngart, J.; Demarchi, L.O.; Quaresma, A.C.; Junk, W. J. 2022. A Review of the Ecological and Biogeographic Differences of Amazonian Floodplain Forests. *Water (Switzerland)*, DOI: <https://doi.org/10.3390/w14213360>
- Yao, X.; Tan, Y.H.; Yang, J.B.; Wang, Y.; Corlett, R.T.; Manen, J.F. 2019. Exceptionally high rates of positive selection on the *rbcl* gene in the genus *Ilex* (Aquifoliaceae) *BMC Evolutionary Biology*, 19(1) DOI: <https://doi.org/10.1186/s12862-019-1521-1>
- Ye, J.; McGinnis, S.; Madden, T.L. 2006. BLAST: Improvements for better sequence analysis. *Nucleic Acids Research*, 34(WEB. SERV. ISS.) DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/gkl164>
- Yu, J.; Wu, X.; Liu, C.; Newmaster, S.; Ragupathy, S.; Kress, W.J. 2021. Progress in the use of DNA barcodes in the identification and classification of medicinal plants. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 208 DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2020.111691>
- Zhang, Z.; Schwartz, S.; Wagner, L.; Miller, W. 2000. A Greedy Algorithm for Aligning DNA Sequences *Journal of Computational Biology*, 7(2): 203-214

Recibido: 16 de julio de 2025 **Aceptado para publicación:** 04 de febrero de 2026

Suplemento 1. Voucher de especímenes depositados en el Herbario Herrerense. Ríos: NAN= Nanay, Mar= Marañon, UCA= Ucayali, YAN= Yanayacu. Tipo de aguas: AB= Agua Blanca, AN= Agua Negra.

Familia	Nombre científico	Ríos	Tipo de aguas	Voucher Herbarium Herrense IIAP
ASTERACEAE	<i>Tilesia baccata</i>	MAR	AB	HA001
	<i>Tessaria integrifolia</i>	MAR	AB	HA023
	<i>Mikania micrantha</i>	YAN	AN	HA044
LECYTHIDACEAE	<i>Eschweilera ovalifolia</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA018, HA079
	<i>Gustavia augusta</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA076, HA138
MARCGRAVIACEAE	<i>Marcgravia crenata</i>	MAR	AB	HA038
PRIMULACEAE	<i>Clavija poeppigii</i>	YAN	AN	HA098
SAPOTACEAE	<i>Micropholis venulosa</i>	NAN	AN	HA193
	<i>Pouteria guianensis</i>	NAN	AN	HA197
	<i>Tabernaemontana sananho</i>	MAR	AB	HA009
	<i>Tabernaemontana siphilitica</i>	YAN	AN	HA073, HA081
	<i>Rauvolfia sprucei</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA089, HA116
APOCYNACEAE	<i>Condylocarpon pubiflorum</i>	NAN	AN	HA158
	<i>Tassadia obovata</i>	NAN	AN	HA162
GENTIANACEAE	<i>Potalia resinifera</i>	NAN	AN	HA156
LOGANIACEAE	<i>Strychnos ramentifera</i>	NAN	AN	HA179
	<i>Strychnos rondeletiioides</i>	NAN	AN	HA187
	<i>Sommerera sabiceoides</i>	MAR, UCA	AB	HA010, HA118
RUBIACEAE	<i>Palicourea croceoides</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA072, HA135
	<i>Psychotria trichotoma</i>	YAN	AN	HA074
	<i>Bothriospora corymbosa</i>	YAN	AN	HA078
	<i>Duroia petiolaris</i>	YAN	AN	HA086
	<i>Palicourea justiciifolia</i>	YAN, UCA, NAN	AN, AB	HA101, HA117, HA191
	<i>Palicourea subfusca</i>	YAN	AN	HA102
	<i>Palicourea colorata</i>	NAN	AN	HA145
	<i>Palicourea violácea</i>	NAN	AN	HA146
	<i>Genipa americana</i>	NAN	AN	HA155, HA189
	<i>Psychotria cf. pedunculosa</i>	NAN	AN	HA165
BIGNONIACEAE	<i>Faramea cf. multiflora</i>	NAN	AN	HA196
	<i>Tanaecium xanthophyllum</i>	MAR	AB	HA004
GESNERIACEAE	<i>Cuspidaria bracteolata</i>	YAN	AN	HA070, HA092
	<i>Drymonia semicordata</i>	MAR	AB	HA012
VERBENACEAE	<i>Citharexylum cf. poeppigii</i>	UCA	AB	HA129

Suplemento 1. Continúa.

Familia	Nombre científico	Ríos	Tipo de aguas	Voucher Herbarium Herrense IIAP
CONVOLVULACEAE	<i>Ipomoea philomega</i>	MAR	AB	HA011
	<i>Ipomoea squamosa</i>	YAN	AN	HA042
	<i>Maripa paniculata</i>	YAN	AN	HA084
	<i>Maripa peruviana</i>	NAN	NAN	HA150
	<i>Lycianthes pauciflora</i>	MAR	AB	HA003
	<i>Solanum pedemontanum</i>	MAR	AB	HA002
SOLANACEAE	<i>Solanum oppositifolium</i>	NAN	AN	HA147
AMARANTHACEAE	<i>Cyathula achyranthoides</i>	UCA	AB	HA127
NYCTAGINACEAE	<i>Neea divaricata</i>	NAN	AN	HA144
POLYGONACEAE	<i>Persicaria ferruginea</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA028, HA046
	<i>Symmeria paniculata</i>	YAN	AN	HA069
	<i>Coccoloba densifrons</i>	UCA	AB	HA133
DILLENIACEAE	<i>Tetracera volubilis</i>	YAN	AN	HA096
	<i>Davilla nítida</i>	NAN	AN	HA174
	<i>Doliocarpus cf. amazonicus</i>	NAN	AN	HA178
ARACEAE	<i>Pistia stratiotes</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA034, HA061
ARECACEAE	<i>Desmoncus polyacanthos</i>	YAN	AN	HA100
PONTEDERIACEAE	<i>Pontederia azurea</i>	MAR	AB	HA033
	<i>Pontederia rotundifolia</i>	YAN	AN	HA041
CYPERACEAE	<i>Scleria flagellum-nigrorum</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA067, HA110
	<i>Panicum stoloniferum</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA013, HA050
	<i>Lasiacis ligulata</i>	MAR	AB	HA020
POACEAE	<i>Echinochloa polystachya</i>	MAR	AB	HA025
	<i>Hymenachne donacifolia</i>	MAR	AB	HA026
	<i>Leptochloa panicoides</i>	MAR	AB	HA027
	<i>Guadua superba</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA030, HA068
	<i>Paspalum fasciculatum</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA048, HA122
	<i>Panicum mertensii</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA051, HA136
	<i>Gynerium sagittatum</i>	UCA	AB	HA120
COSTACEAE	<i>Costus scaber</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA016, HA082
	<i>Costus arabicus</i>	YAN	AN	HA056
HELICONIACEAE	<i>Heliconia episcopalis</i>	UCA	AB	HA126
LAURACEAE	<i>Nectandra longifolia</i>	YAN	AN	HA103
	<i>Endlicheria williamsii</i>	NAN	AN	HA188
	<i>Endlicheria arachnocomae</i>	NAN	AN	HA198
ANNONACEAE	<i>Annona hypoglauca</i>	NAN	AN	ND7090
	<i>Annona nítida</i>	YAN	AN	HA093

Suplemento 1. Continúa.

Familia	Nombre científico	Ríos	Tipo de aguas	Voucher Herbarium Herrense IIAP
MYRISTICACEAE	<i>Virola sebifera</i>	NAN	AN	HA160
PIPERACEAE	<i>Piper aduncum</i>	MAR	AB	HA007
	<i>Piper arboreum</i>	UCA	AB	HA128
MENISPERMACEAE	<i>Cissampelos pareira</i>	UCA	AB	HA112
	<i>Odontocarya cf. diplobotrya</i>	UCA	AB	HA123
CAPPARACEAE	<i>Crateva tapia</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA040, HA134
CLEOMACEAE	<i>Cleome longipes</i>	MAR	AN	HA006
	<i>Cleome virens</i>	YAN	AN	HA057
BEGONIACEAE	<i>Begonia semiovata</i>	YAN	AN	HA059
CUCURBITACEAE	<i>Gurania lobata</i>	MAR	AB	HA005
	<i>Cayaponia cruegeri</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA052, HA109
FABACEAE	<i>Inga acreana</i>	MAR	AB	HA017
	<i>Inga oerstediana</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA019, HA055
	<i>Mimosa pigra</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA021, HA029, HA043, HA053
	<i>Inga punctata</i>	MAR	AB	HA032
	<i>Senna reticulata</i>	MAR, YAN	AB, AN	HA036, HA49
	<i>Andira cf. multistipula</i>	YAN	AN	HA060
	<i>Entada polyphylla</i>	YAN	AN	HA063
	<i>Indigofera suffruticosa</i>	YAN	AN	HA064
	<i>Bauhinia corniculata</i>	YAN	AN	HA065
	<i>Macrolobium acaciifolium</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA071, HA130
FABACEAE	<i>Machaerium inundatum</i>	YAN	AN	HA075
	<i>Senegalia kuhlmannii</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA080, HA132
	<i>Deguelia negrensis</i>	YAN	AN	HA087
	<i>Piptadenia pteroclada</i>	UCA	AB	HA124
	<i>Cymbosema roseum</i>	UCA	AB	HA139
	<i>Macrosamanea spruceana</i>	NAN	AN	HA152
	<i>Dalbergia monetaria</i>	NAN	AN	HA164, HA173
	<i>Campsiandra comosa</i>	NAN	AN	HA166
	<i>Inga cf. nobilis</i>	NAN	AN	HA167
	<i>Inga marginata</i>	NAN	AN	HA168
	<i>Andira cf. macrothyrsa</i>	NAN	AN	HA182
	<i>Inga umbellifera</i>	NAN	AN	HA183
	<i>Zygia cataractae</i>	NAN	AN	HA185
	<i>Macrolobium angustifolium</i>	NAN	AN	HA186
POLYGALACEAE	<i>Securidaca divaricata</i>	NAN	AN	HA151
	<i>Moutabea aculeata</i>	NAN	AN	HA184

Suplemento 1. Continúa.

Familia	Nombre científico	Ríos	Tipo de aguas	Voucher Herbarium Herrense IIAP
CALOPHYLLACEAE	<i>Caraipa densifolia</i>	NAN	AN	HA190
CHRYSOBALANACEAE	<i>Couepia ulei</i>	NAN	AN	HA180
	<i>Couepia guianensis</i>	YAN	AN	HA091
	<i>Acalypha scandens</i>	MAR	AB	HA015
	<i>Omphalea diandra</i>	YAN	AN	HA083
EUPHORBIACEAE	<i>Croton palanostigma</i>	NAN	AN	HA141
	<i>Croton cuneatus</i>	NAN	AN	HA177
HYPERICACEAE	<i>Vismia macrophylla</i>	NAN	AN	HA159
MALPIGHIACEAE	<i>Mascagnia divaricata</i>	MAR, UCA	AB	HA035, HA119
	<i>Banisteriopsis cf. martiniana</i>	NAN	AN	HA163
PASSIFLORACEAE	<i>Passiflora quadriglandulosa</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA085, HA115
	<i>Passiflora serratodigitata</i>	UCA	AB	HA105
	<i>Passiflora aristulata</i>	UCA	AB	HA106
	<i>Passiflora nitida</i>	NAN	AN	HA176
PHYLLANTHACEAE	<i>Margaritaria nobilis</i>	YAN	AN	HA062
	<i>Didymocistus chrysadenius</i>	NAN	AN	HA161
PICRODENDRACEAE	<i>Podocalyx loranthoides</i>	NAN	AN	HA172
SALICACEAE	<i>Salix humboldtiana</i>	MAR	AB	HA022
	<i>Casearia corymbulosa</i>	UCA	AB	HA137
VIOLACEAE	<i>Leonia racemosa</i>	YAN	AN	HA099
	<i>Rinorea lindeniana</i>	NAN	AN	HA142
MALVACEAE	<i>Guazuma ulmifolia</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA054, HA113
	<i>Sida acuta</i>	YAN	AN	HA058
	<i>Ayenia fulva</i>	YAN	AN	HA077
	<i>Pachira insignis</i>	YAN	AN	HA088
MUNTINGIACEAE	<i>Muntingia calabura</i>	MAR	AB	HA031
COMBRETACEAE	<i>Combretum laxum</i>	MAR	AB	HA039
	<i>Terminalia oxycarpa</i>	YAN	AN	HA095
	<i>Combretum fruticosum</i>	NAN	AN	HA195
MELASTOMATAACEAE	<i>Miconia tocoaudata</i>	YAN	AN	HA066
	<i>Miconia ternatifolia</i>	YAN	AN	HA097
	<i>Miconia cannabina</i>	UCA	AB	HA108
	<i>Miconia heteroclita</i>	NAN	AN	HA143
	<i>Miconia aulocalyx</i>	NAN	AN	HA148
	<i>Mouriri cf. nigra</i>	NAN	AN	HA171
	<i>Henriettea stellaris</i>	NAN	AN	HA194

Suplemento 1. Continúa.

Familia	Nombre científico	Ríos	Tipo de aguas	Voucher Herbarium Herrense IIAP
MYRTACEAE	<i>Psidium acutangulum</i>	YAN	AN	HA090
	<i>Myrciaria dubia</i>	NAN	AN	ND7091
	<i>Myrcia splendens</i>	UCA, NAN	AB, AN	HA107, HA157
ONAGRACEAE	<i>Ludwigia leptocarpa</i>	MAR	AB	HA024
MORACEAE	<i>Perebea longepedunculata</i>	MAR	AB	HA008
	<i>Ficus citrifolia</i>	MAR	AB	HA037
	<i>Ficus paraensis</i>	YAN	AN	HA094
	<i>Ficus insipida</i>	UCA	AB	HA125
	<i>Ficus americana subsp. guianensis</i>	NAN	AN	HA154
RHAMNACEAE	<i>Gouania cornifolia</i>	UCA	AB	HA114
URTICACEAE	<i>Cecropia membranacea</i>	UCA	AB	HA121
SAPINDACEAE	<i>Paullinia longifolia</i>	NAN	AN	HA153
SIMAROUBACEAE	<i>Simaba guianensis</i>	UCA	AB	HA131
VITACEAE	<i>Cissus verticillata</i>	MAR	AB	HA014
	<i>Cissus erosa</i>	YAN, UCA	AN, AB	HA045, HA111
LORANTHACEAE	<i>Psittacanthus cucullaris</i>	YAN	AN	HA047
	<i>Oryctanthus alveolatus</i>	NAN	AN	HA175

Suplemento 2. Números de acceso de las secuencias nucleotídicas.

Datos del estudio (<i>rbcL</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
AMARANTHACEAE	<i>Cyathula achyranthoides</i>	Cyac01	OQ790212	99.63	<i>Cyathula achyranthoides</i>	<i>rbcL</i> gene	OP710617.1
ANNONACEAE	<i>Annona hypoglauca</i>	Anhy	OQ790176	100	<i>Annona hypoglauca</i>	<i>rbcL</i> gene	EU420859.1
	<i>Annona nítida</i>	Anni01	OQ790179	100	<i>Annona montana</i>	chloroplast, complete genome	NC_066643.1
APOCYNACEAE	<i>Condylocarpon pubiflorum</i>	Copu01	OQ790202	99.25	<i>Condylocarpon guyanense</i>	<i>rbcL</i> gene	AM295080.1
	<i>Rauvolfia sprucei</i>	Raus01	OQ790333	99.25	<i>Rauvolfia serpentina</i>	chloroplast, complete genome	NC_047244.1
	<i>Rauvolfia sprucei</i>	Raus02	OQ790334	99.25	<i>Rauvolfia serpentina</i>	chloroplast, complete genome	NC_047244.1
	<i>Tassadia obovata</i>	Tabo01	OQ790351	100	<i>Tassadia propinqua</i>	chloroplast, complete genome	MG963257.1
	<i>Tabernaemontana sananho</i>	Tana01	OQ790353	99.07	<i>Tabernaemontana brachyantha</i>	<i>rbcL</i> gene	KC628054.1
	<i>Tabernaemontana siphilitica</i>	Tasi01	OQ790354	99.07	<i>Tabernaemontana brachyantha</i>	<i>rbcL</i> gene	KC628054.1
	<i>Tabernaemontana siphilitica</i>	Tasi02	OQ790355	99.07	<i>Tabernaemontana brachyantha</i>	<i>rbcL</i> gene	KC628054.1
ARACEAE	<i>Pistia stratiotes</i>	Pist01	OQ790319	99.81	<i>Pistia stratiotes</i>	chloroplast, complete genome	NC_048522.1
	<i>Pistia stratiotes</i>	Pist02	OQ790320	99.81	<i>Pistia stratiotes</i>	chloroplast, complete genome	NC_048522.1
ARECACEAE	<i>Desmoncus polyacanthos</i>	Depo01	OQ790217	100	<i>Geonoma longivaginata</i>	<i>rbcL</i> gene	ON248759.1
ASTERACEAE	<i>Mikania micrantha</i>	Mimi01	OQ790277	99.81	<i>Mikania micrantha</i>	<i>rbcL</i> gene	MH049939.1
	<i>Tessaria integrifolia</i>	Tein01	OQ790358	99.62	<i>Pluchea sagittalis</i>	<i>rbcL</i> gene	MH049943.1
	<i>Tilesia baccata</i>	Tiba01	OQ790361	100	<i>Tilesia baccata</i>	<i>rbcL</i> gene	KJ594535.1
BEGONIACEAE	<i>Begonia semiovata</i>	Bese01	OQ790182	99.81	<i>Begonia santos-limae</i>	chloroplast, complete genome	NC_070332.1
BIGNONIACEAE	<i>Cuspidaria bracteolata</i>	Cubr01	OQ790210	100	<i>Cuspidaria floribunda</i>	chloroplast, complete genome	MG831873.1
	<i>Cuspidaria bracteolata</i>	Cubr02	OQ790211	100	<i>Cuspidaria floribunda</i>	chloroplast, complete genome	MG831873.1
	<i>Tanaecium xanthophyllum</i>	Taxa01	OQ790357	99.81	<i>Cuspidaria floribunda</i>	chloroplast, complete genome	MG831873.1
CALOPHYLLACEAE	<i>Caraipa densifolia</i>	Cade01	OQ790189	100	<i>Caraipa heterocarpa</i>	chloroplast, complete genome	MW853787.1

Suplemento 2. Continúa.

Datos del estudio (<i>rbcl</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
CAPPARACEAE	<i>Crateva tapia</i>	Crta01	OQ790208	100	<i>Crateva tapia</i>	chloroplast, complete genome	NC_049621.1
	<i>Crateva tapia</i>	Crta02	OQ790209	100	<i>Crateva tapia</i>	chloroplast, complete genome	NC_049621.1
CLEOMACEAE	<i>Cleome longipes</i>	Talo01	OQ790352	99.44	<i>Tarenaya hassleriana</i>	rbcl gene	MG249893.1
	<i>Cleome virens</i>	Tavi01	OQ790356	99.62	<i>Tarenaya hassleriana</i>	rbcl gene	MG249893.1
CHRYSOBALANACEAE	<i>Couepia guianensis</i>	Cogu01	OQ790200	100	<i>Couepia sandwithii</i>	chloroplast, complete genome	NC_030552.1
	<i>Couepia ulei</i>	Coul01	OQ790205	100	<i>Couepia subcordata</i>	chloroplast, complete genome	NC_030554.1
COMBRETACEAE	<i>Combretum fruticosum</i>	Cofr01	OQ790199	99.46	<i>Combretum fruticosum</i>	rbcl gene	KJ594188.1
	<i>Combretum laxum</i>	Cola01	OQ790201	100	<i>Combretum laxum</i>	rbcl gene	MZ478833.1
	<i>Terminalia oxycarpa</i>	Teox01	OQ790359	100	<i>Combretum micranthum</i>	rbcl gene	KC158474.1
CONVOLVULACEAE	<i>Ipomoea philomega</i>	lpph01	OQ790256	99.81	<i>Ipomoea microdactyla</i>	rbcl gene	MH549887.1
	<i>Ipomoea squamosa</i>	lpsq01	OQ790257	100	<i>Ipomoea splendor-sylvae</i>	chloroplast, complete genome	NC_041206.1
	<i>Maripa paniculata</i>	Mapa01	OQ790271	99.62	<i>Maripa paniculata</i>	rbcl gene	AY101046.1
	<i>Maripa peruviana</i>	Mape01	OQ790272	99.44	<i>Maripa paniculata</i>	rbcl gene	AY101046.1
COSTACEAE	<i>Costus arabicus</i>	Coar01	OQ790197	100	<i>Costus viridis</i>	chloroplast, complete genome	MK262733.1
	<i>Costus scaber</i>	Cosc01	OQ790203	100	<i>Costus scaber</i>	rbcl gene	JQ591170.1
	<i>Costus scaber</i>	Cosc02	OQ790204	100	<i>Costus scaber</i>	rbcl gene	JQ591170.1
CUCURBITACEAE	<i>Cayaponia cruegeri</i>	Cacr01	OQ790187	99.06	<i>Cayaponia macrocalyx</i>	rbcl gene	JQ594566.1
	<i>Cayaponia cruegeri</i>	Cacr02	OQ790188	99.06	<i>Cayaponia macrocalyx</i>	rbcl gene	JQ594566.1
	<i>Gurania lobata</i>	Gulo01	OQ790239	99.81	<i>Gurania tubulosa</i>	rbcl gene	KJ594271.1
CYPERACEAE	<i>Scleria flagellum-nigrorum</i>	Scfl01	OQ790337	98.13	<i>Scleria sp. MHPAA106-08</i>	rbcl gene	JQ594697.1
	<i>Scleria flagellum-nigrorum</i>	Scfl02	OQ790338	98.13	<i>Scleria sp. MHPAA106-08</i>	rbcl gene	JQ594697.1
DILLENACEAE	<i>Davilla nitida</i>	Dani01	OQ790214	99.81	<i>Davilla nitida</i>	rbcl gene	MZ478846.1
	<i>Doliocarpus amazonicus</i>	Doam01	OQ790219	99.25	<i>Doliocarpus dentatus</i>	rbcl gene	MG718394.1
	<i>Tetracera volubilis</i>	Tevo01	OQ790360	100	<i>Tetracera volubilis</i>	rbcl gene	KJ594529.1
EUPHORBIACEAE	<i>Acalypha scandens</i>	Acsc01	OQ790175	100	<i>Acalypha sp.</i>	rbcl gene	MN216512.1
	<i>Croton cuneatus</i>	Crcu01	OQ790206	99.25	<i>Croton roraimensis</i>	rbcl gene	EF405852.1
	<i>Croton palanostigma</i>	Crpa01	OQ790207	99.81	<i>Croton glandulosus</i>	rbcl gene	KY626920.1
	<i>Omphalea diandra</i>	Omdi01	OQ790294	100	<i>Omphalea diandra</i>	rbcl gene	KJ594380.1

Suplemento 2. Continúa.

Datos del estudio (<i>rbcL</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
FABACEAE	<i>Andira macrothyrsa</i>	Anma01	OQ790177	100	<i>Andira anthelmia</i>	<i>rbcL</i> gene	MG718040.1
	<i>Andira multistipula</i>	Anmu01	OQ790178	99.81	<i>Andira inermis</i>	<i>rbcL</i> gene	JQ591576.1
	<i>Bauhinia corniculata</i>	Baco01	OQ790180	99.81	<i>Bauhinia mendoncae</i>	<i>rbcL</i> gene	KU568168.1
	<i>Campsiandra comosa</i>	Caco01	OQ790185	99.62	<i>Entada rheedei</i>	<i>rbcL</i> gene	MN591391.1
	<i>Cymbosema roseum</i>	Cyro01	OQ790213	99.64	<i>Cleobulia coccinea</i>	chloroplast, complete genome	NC_067532.1
	<i>Dalbergia monetaria</i>	Daov01	OQ790215	99.62	<i>Dalbergia monetaria</i>	<i>rbcL</i> gene	KM510275.1
	<i>Dalbergia monetaria</i>	Damo01	OR240080	100	<i>Dalbergia monetaria</i>	<i>rbcL</i> gene	KM510275.1
	<i>Deguelia negrensis</i>	Dene01	OQ790216	99.07	<i>Millettia laurentii</i>	chloroplast, complete genome	MZ274110.1
	<i>Entada polyphylla</i>	Enpo01	OQ790225	99.62	<i>Entada leptostachya</i>	<i>rbcL</i> gene	OL538024.1
	<i>Inga acreana</i>	Inac01	OQ790248	99.81	<i>Inga edulis</i>	chloroplast, complete genome	NC_047315.1
	<i>Inga marginata</i>	Inma01	OQ790249	99.64	<i>Inga marginata</i>	<i>rbcL</i> gene	MG718135.1
	<i>Inga nobilis</i>	Inno01	OQ790250	99.64	<i>Inga nobilis</i>	<i>rbcL</i> gene	GQ981772.1
	<i>Inga oerstediana</i>	Inoe01	OQ790251	99.09	<i>Inga oerstediana</i>	chloroplast, complete genome	OY723413.1
	<i>Inga oerstediana</i>	Inoe02	OQ790252	99.09	<i>Inga oerstediana</i>	chloroplast, complete genome	OY723413.1
	<i>Inga punctata</i>	Inpu01	OQ790253	99.62	<i>Inga punctata</i>	<i>rbcL</i> gene	GQ981775.1
	<i>Indigofera suffruticosa</i>	Insu01	OQ790254	100	<i>Indigofera suffruticosa</i>	<i>rbcL</i> gene	MH549884.1
	<i>Inga umbellifera</i>	Inum01	OQ790255	100	<i>Inga umbellifera</i>	<i>rbcL</i> gene	GQ981780.1
	<i>Macrolobium acaciifolium</i>	Maac01	OQ790263	100	<i>Macrolobium acaciifolium</i>	<i>rbcL</i> gene	MF786341.1
	<i>Macrolobium acaciifolium</i>	Maac02	OQ790264	100	<i>Macrolobium acaciifolium</i>	<i>rbcL</i> gene	MF786341.1
	<i>Macrolobium angustifolium</i>	Maan01	OQ790265	100	<i>Macrolobium angustifolium</i>	<i>rbcL</i> gene	MF786424.1
	<i>Machaerium inundatum</i>	Main01	OQ790269	99.62	<i>Machaerium brasiliense</i>	<i>rbcL</i> gene	MG833543.1
	<i>Macrosamanea spruceana</i>	Masp01	OQ790273	99.82	<i>Zygia latifolia</i>	<i>rbcL</i> gene	MG833572.1
	<i>Mimosa pigra</i>	Mipi01	OQ790278	100	<i>Mimosa pigra</i>	<i>rbcL</i> gene	KX119309.1
	<i>Mimosa pigra</i>	Mipi02	OQ790279	100	<i>Mimosa pigra</i>	<i>rbcL</i> gene	KX119309.1
	<i>Mimosa pigra</i>	Mipi03	OQ790280	100	<i>Mimosa pigra</i>	<i>rbcL</i> gene	KX119309.1
	<i>Mimosa pigra</i>	Mipi04	OQ790281	99.62	<i>Mimosa pigra</i>	<i>rbcL</i> gene	GU135239.1
	<i>Piptadenia pteroclada</i>	Pipt01	OQ790318	99.81	<i>Piptadenia gonoacantha</i>	<i>rbcL</i> gene	MG833557.1
<i>Senna reticulata</i>	Sere01	OQ790340	100	<i>Senna reticulata</i>	chloroplast, complete genome	NC_083217.1	

Suplemento 2. Continúa.

Datos del estudio (<i>rbcl</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
FABACEAE	<i>Senna reticulata</i>	Sere02	OQ790341	100	<i>Senna reticulata</i>	chloroplast, complete genome	NC_083217.1
	<i>Senegalia kuhlmannii</i>	Seku01	OR240081	100	<i>Senegalia greggii</i>	rbcl gene	KY707179.1
	<i>Senegalia kuhlmannii</i>	Seku02	OR240082	100	<i>Senegalia greggii</i>	rbcl gene	KY707179.1
	<i>Zygia cataractae</i>	Zyca01	OQ790363	100	<i>Zygia palmana</i>	rbcl gene	JQ592105.1
GENTIANACEAE	<i>Potalia resinifera</i>	Pore01	OQ790323	96	<i>Potalia resinifera</i>	rbcl gene	AJ235816.1
GESNERIACEAE	<i>Drymonia semicordata</i>	Drse01	OQ790220	99.81	<i>Drymonia turrialvae</i>	rbcl gene	JQ592174.1
HELICONIACEAE	<i>Heliconia episcopalis</i>	Heep01	OQ790245	99.81	<i>Heliconia pogonantha</i>	rbcl gene	JX978654.1
HYPERICACEAE	<i>Vismia macrophylla</i>	Vima01	OR240079	99.62	<i>Vismia macrophylla</i>	rbcl gene	JQ591112.1
LAURACEAE	<i>Endlicheria arachnocomae</i>	Enar01	OQ790224	99.64	<i>Endlicheria paniculata</i>	rbcl gene	KF981232.1
	<i>Endlicheria williamsii</i>	Enwi01	OQ790226	99.64	<i>Endlicheria paniculata</i>	rbcl gene	GQ428563.1
	<i>Nectandra longifolia</i>	Nelo01	OQ790292	100	<i>Nectandra cuspidata</i>	rbcl gene	MG718337.1
LECYTHIDACEAE	<i>Eschweilera ovalifolia</i>	Esov01	OQ790227	99.81	<i>Eschweilera pittieri</i>	chloroplast, complete genome	MF359954.1
	<i>Eschweilera ovalifolia</i>	Esov02	OQ790228	99.81	<i>Eschweilera pittieri</i>	chloroplast, complete genome	MF359954.1
	<i>Gustavia augusta</i>	Guan01	OQ790237	99.81	<i>Gustavia augusta</i>	chloroplast, complete genome	MF359943.1
	<i>Gustavia augusta</i>	Guan02	OQ790238	99.81	<i>Gustavia augusta</i>	chloroplast, complete genome	MF359943.1
LOGANIACEAE	<i>Strychnos rondeletioides</i>	Stro01	OQ790348	100	<i>Strychnos darienensis</i>	rbcl gene	KJ594508.1
	<i>Strychnos ramentifera</i>	Strom01	OQ790349	100	<i>Strychnos darienensis</i>	rbcl gene	KJ594508.1
LORANTHACEAE	<i>Oryctanthus alveolatus</i>	Oral01	OQ790295	100	<i>Oryctanthus occidentalis</i>	rbcl gene	MZ478903.1
	<i>Psittacanthus cucullaris</i>	Pscu01	OQ790326	99.81	<i>Psittacanthus cucullaris</i>	rbcl gene	LT599651.1
MALPIGHIACEAE	<i>Banisteriopsis martiniana</i>	Bama01	OQ790181	99.62	<i>Banisteriopsis martiniana</i>	rbcl gene	HQ247442.1
	<i>Mascagnia divaricata</i>	Madi01	OQ790267	99.81	<i>Mascagnia divaricata</i>	rbcl gene	HQ247553.1
	<i>Mascagnia divaricata</i>	Madi02	OQ790268	99.25	<i>Mascagnia divaricata</i>	rbcl gene	HQ247553.1
MALVACEAE	<i>Ayenia fulva</i>	Byfu01	OQ790184	99.62	<i>Byttneria pilosa</i>	rbcl gene	MW115651.1
	<i>Guazuma ulmifolia</i>	Guul01	OQ790242	98.89	<i>Guazuma ulmifolia</i>	rbcl gene	MG833600.1
	<i>Guazuma ulmifolia</i>	Guul02	OQ790243	97.77	<i>Guazuma ulmifolia</i>	rbcl gene	MG833600.1
	<i>Pachira insignis</i>	Pain01	OQ790302	98.51	<i>Pachira insignis</i>	rbcl gene	OL537024.1
	<i>Sida acuta</i>	Siac01	OQ790342	100	<i>Sida acuta</i>	rbcl gene	MG601500.1
MARCGRAVIACEAE	<i>Marcgravia crenata</i>	Macr01	OQ790266	99.81	<i>Marcgravia rectiflora</i>	rbcl gene	MH749146.1

Suplemento 2. Continúa.

Datos del estudio (<i>rbcL</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
MELASTOMATACEAE	<i>Henriettea stellaris</i>	Hest01	OQ790246	100	<i>Henriettea patrisiana</i>	<i>rbcL</i> gene	JF832002.1
	<i>Miconia aulocalix</i>	Miau01	OQ790274	99.81	<i>Miconia tocoaristata</i>	<i>rbcL</i> gene	MF786423.1
	<i>Miconia cannabina</i>	Mica01	OQ790275	100	<i>Miconia elata</i>	<i>rbcL</i> gene	GQ981801.1
	<i>Miconia heteroclita</i>	Mihe01	OQ790276	100	<i>Miconia trinervia</i>	<i>rbcL</i> gene	JQ592681.1
	<i>Miconia ternatifolia</i>	Mite01	OQ790282	100	<i>Miconia pusilliflora</i>	<i>rbcL</i> gene	MG718567.1
	<i>Miconia tocoaudata</i>	Mito01	OQ790283	100	<i>Miconia subciliata</i>	<i>rbcL</i> gene	MF786369.1
	<i>Mouriri plasschaertii</i>	Moni01	OQ790286	96.84	<i>Miconia moorei</i>	<i>rbcL</i> gene	OP711317.1
MENISPERMACEAE	<i>Cissampelos pareira</i>	Cipa01	OQ790193	100	<i>Cissampelos pareira</i>	<i>rbcL</i> gene	KJ594156.1
	<i>Odontocarya diplobotrya</i>	Oddi01	OQ790293	100	<i>Odontocarya tamoides</i>	<i>rbcL</i> gene	KJ594378.1
MORACEAE	<i>Ficus citrifolia</i>	Fici01	OQ790230	99.82	<i>Ficus citrifolia</i>	<i>rbcL</i> gene	JQ592817.1
	<i>Ficus americana</i> subsp. <i>guianensis</i>	Figu01	OQ790231	99.82	<i>Ficus retusa</i>	<i>rbcL</i> gene	MN102667.1
	<i>Ficus insipida</i>	Fiin01	OQ790232	99.81	<i>Ficus virgata</i>	<i>rbcL</i> gene	PQ110790.1
	<i>Ficus paraensis</i>	Fipa01	OQ790233	100	<i>Ficus virgata</i>	<i>rbcL</i> gene	PQ110790.1
	<i>Perebea longepedunculata</i>	Pelo01	OQ790315	99.81	<i>Perebea guianensis</i>	<i>rbcL</i> gene	FJ038124.1
MUNTINGIACEAE	<i>Muntingia calabura</i>	Muca01	OQ790287	100	<i>Muntingia calabura</i>	chloroplast, complete genome	NC_056948.1
MYRISTICACEAE	<i>Virola sebifera</i>	Vise01	OQ790362	98.74	<i>Virola sebifera</i>	<i>rbcL</i> gene	MG833621.1
MYRTACEAE	<i>Myrciaria dubia</i>	Mydu01	OQ790288	100	<i>Myrciaria floribunda</i>	<i>rbcL</i> gene	MG718336.1
	<i>Myrcia splendens</i>	Mysp01	OQ790289	99.44	<i>Myrcia splendens</i>	<i>rbcL</i> gene	JQ592963.1
	<i>Myrcia splendens</i>	Mysp02	OQ790290	99.81	<i>Myrcia splendens</i>	<i>rbcL</i> gene	KF561933.1
	<i>Psidium acutangulum</i>	Psac01	OQ790325	100	<i>Psidium guajava</i>	chloroplast, complete genome	PP920098.1
NYCTAGINACEAE	<i>Neea divaricata</i>	Nedi01	OQ790291	99.62	<i>Neea psychotrioides</i>	<i>rbcL</i> gene	JQ592987.1
ONAGRACEAE	<i>Ludwigia leptocarpa</i>	Lule01	OQ790261	99.45	<i>Ludwigia leptocarpa</i>	<i>rbcL</i> gene	KY626901.1
PASSIFLORACEAE	<i>Passiflora serratodigitata</i>	Pase01	OQ790309.1	99.82	<i>Passiflora serratodigitata</i>	chloroplast, complete genome	NC_038127.1
	<i>Passiflora aristulata</i>	Paar01	OQ790296	99.07	<i>Passiflora maliformis</i>	<i>rbcL</i> gene	KM652394.1
	<i>Passiflora nítida</i>	Pani01	OQ790306	99.46	<i>Passiflora nitida</i>	chloroplast, complete genome	NC_038123.1
	<i>Passiflora quadriglandulosa</i>	Paqu01	OQ790307	99.27	<i>Passiflora quadriglandulosa</i>	<i>rbcL</i> gene	KM652390.1
	<i>Passiflora quadriglandulosa</i>	Paqu02	OQ790308	99.27	<i>Passiflora quadriglandulosa</i>	<i>rbcL</i> gene	KM652390.1

Suplemento 2. Continúa.

Datos del estudio (<i>rbcl</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
PHYLLANTHACEAE	<i>Didymocistus chrysadenius</i>	Dich01	OQ790218	99.81	<i>Didymocistus chrysadenius</i>	rbcl gene	AY663581.1
	<i>Margaritaria nobilis</i>	Mano01	OQ790270	100	<i>Margaritaria nobilis</i>	rbcl gene	MH185918.1
PICRODENDRACEAE	<i>Podocalyx loranthoides</i>	Polo01	OQ790322	99.82	<i>Podocalyx loranthoides</i>	rbcl gene	JX664066.1
PIPERACEAE	<i>Piper aduncum</i>	Piad01	OQ790316	98.9	<i>Piper aduncum</i>	rbcl gene	JQ593170.1
	<i>Piper arboreum</i>	Piar01	OQ790317	98.55	<i>Piper arboreum</i>	rbcl gene	GQ981830.1
POACEAE	<i>Pseudechinolaena polystachya</i>	Ecsp01	OQ790222	100	<i>Echinochloa oryzoides</i>	rbcl gene	MF998289.1
	<i>Guadua superba</i>	Gusu01	OQ790240	100	<i>Guadua angustifolia</i>	chloroplast, complete genome	NC_029749.1
	<i>Guadua superba</i>	Gusu02	OQ790241	100	<i>Guadua angustifolia</i>	chloroplast, complete genome	NC_029749.1
	<i>Gynerium sagittatum</i>	Gysa01	OQ790244	100	<i>Gynerium sagittatum</i>	chloroplast, complete genome	MK593553.1
	<i>Hymenachne donacifolia</i>	Hydo01	OQ790247	99.28	<i>Plagiantha tenella</i>	chloroplast, complete genome	NC_030497.1
	<i>Lasiacis ligulata</i>	Lali01	OQ790258	99.81	<i>Lasiacis ligulata</i>	rbcl gene	LT593960.1
	<i>Dinebra panicoides</i>	Lepa01	OQ790259	99.82	<i>Dinebra retroflexa</i>	rbcl gene	MF998369.1
	<i>Paspalum fasciculatum</i>	Pafa01	OQ790300	99.07	<i>Paspalum monostachyum</i>	rbcl gene	MH549936.1
	<i>Paspalum fasciculatum</i>	Pafa02	OQ790301	99.44	<i>Paspalum monostachyum</i>	rbcl gene	MH549936.1
	<i>Stephostachys mertensii</i>	Pame01	OQ790304	99.81	<i>Panicum stoloniferum</i>	rbcl gene	AM849421.1
	<i>Stephostachys mertensii</i>	Pame02	OQ790305	99.81	<i>Panicum stoloniferum</i>	rbcl gene	AM849421.1
	<i>Ocellochloa stolonifera</i>	Past01	OQ790310	99.82	<i>Ocellochloa stolonifera</i>	rbcl gene	AM849421.1
	<i>Ocellochloa stolonifera</i>	Past02	OQ790311	99.82	<i>Ocellochloa stolonifera</i>	rbcl gene	AM849421.1
POLYGALACEAE	<i>Securidaca divaricata</i>	Sedi01	OQ790339	98.88	<i>Securidaca sp.</i>	rbcl gene	MN216837.1
	<i>Moutabea aculeata</i>	Moac01	OQ790285	97.2	<i>Moutebea aculeata</i>	rbcl gene	AM234169.1
POLYGONACEAE	<i>Persicaria ferruginea</i>	Pefe01	OQ790313	100	<i>Persicaria pensylvanica</i>	rbcl gene	MG245946.1
	<i>Coccoloba densifrons</i>	Code01	OQ790198	99.63	<i>Coccoloba densifrons</i>	rbcl gene	AF297138.1
	<i>Persicaria ferruginea</i>	Pefe02	OQ790314	100	<i>Persicaria pensylvanica</i>	rbcl gene	MG245946.1
	<i>Symmeria paniculata</i>	Sypa01	OQ790350	97.26	<i>Symmeria paniculata</i>	chloroplast, complete genome	MH286353.1
PONTEDERACEAE	<i>Pontederia azurea</i>	Eiaz01	OQ790223	100	<i>Pontederia azurea</i>	rbcl gene	LC536889.1
	<i>Pontederia rotundifolia</i>	Poro01	OQ790324	99.82	<i>Pontederia rotundifolia</i>	rbcl gene	U41595.1
PRIMULACEAE	<i>Clavija poeppigii</i>	Clpo01	OQ790196	99.64	<i>Clavija nutans</i>	rbcl gene	MG833657.1

Suplemento 2. Continúa.

Datos del estudio (<i>rbcl</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
RHAMNACEAE	<i>Gouania cornifolia</i>	Goco01	OQ790236	98.51	<i>Gouania cf. lupuloides</i>	<i>rbcl</i> gene	MT832695.1
RUBIACEAE	<i>Bothriospora corymbosa</i>	Boco01	OQ790183	100	<i>Alseis lugonis</i>	chloroplast, complete genome	Y18709.1
	<i>Duroia petiolaris</i>	Dupe01	OQ790221	99.81	<i>Oxyceros</i> sp.	<i>rbcl</i> gene	F964860.1
	<i>Faramea multiflora</i>	Famu01	OQ790229	99.81	<i>Faramea multiflora</i>	<i>rbcl</i> gene	KY378701.1
	<i>Genipa americana</i>	Geam01	OQ790234	99.81	<i>Genipa americana</i>	<i>rbcl</i> gene	Q593674.1
	<i>Genipa americana</i>	Geam02	OQ790235	99.81	<i>Genipa americana</i>	<i>rbcl</i> gene	Q593674.1
	<i>Palicourea croceoides</i>	Pacr01	OQ790298	100	<i>Palicourea croceoides</i>	<i>rbcl</i> gene	MG833675.1
	<i>Palicourea colorata</i>	Paco01	OQ790297	99.62	<i>Palicourea croceoides</i>	<i>rbcl</i> gene	OQ790299.1
	<i>Palicourea subfusca</i>	Pssu01	OQ790331	99.45	<i>Palicourea guianensis</i>	chloroplast, complete genome	KY378697.1
	<i>Palicourea violacea</i>	Pavi01	OQ790312	99.45	<i>Palicourea lasiorrachis</i>	chloroplast, complete genome	AJ002179.1
	<i>Palicourea justiciifolia</i>	Pslu01	OQ790327	99.54	<i>Palicourea guianensis</i>	chloroplast, complete genome	KY378697.1
	<i>Palicourea justiciifolia</i>	Pslu02	OQ790328	99.54	<i>Palicourea guianensis</i>	chloroplast, complete genome	KY378697.1
	<i>Palicourea justiciifolia</i>	Pslu03	OQ790329	99.54	<i>Palicourea guianensis</i>	chloroplast, complete genome	KY378697.1
	<i>Psychotria mapourioides</i>	Psma01	OQ790330	97.39	<i>Psychotria mapourioides</i>	<i>rbcl</i> gene	MG718581.1
	<i>Palicourea croceoides</i>	Pacr02	OQ790299	100	<i>Palicourea croceoides</i>	<i>rbcl</i> gene	MG833675.1
	<i>Psychotria trichotoma</i>	Pstr01	OQ790332	99.82	<i>Psychotria rubra</i>	<i>rbcl</i> gene	MN555783.1
<i>Sommeria sabiceoides</i>	Sosa01	OQ790346	100	<i>Sommeria sabiceoides</i>	<i>rbcl</i> gene	AM117278.1	
<i>Sommeria sabiceoides</i>	Sosa02	OQ790347	99.25	<i>Sommeria sabiceoides</i>	<i>rbcl</i> gene	AM117278.1	
SALICACEAE	<i>Casearia corymbulosa</i>	Cacor01	OQ790186	99.44	<i>Casearia</i> sp.	<i>rbcl</i> gene	MF435518.1
	<i>Salix humboldtiana</i>	Sahu01	OQ790336	100	<i>Salix humboldtiana</i>	<i>rbcl</i> gene	KX016422.1
SAPINDACEAE	<i>Paullinia longifolia</i>	Paing01	OQ790303	100	<i>Paullinia cururu</i>	<i>rbcl</i> gene	KJ594401.1
SAPOTACEAE	<i>Micropholis venulosa</i>	Mive01	OQ790284	99.46	<i>Micropholis venulosa</i>	<i>rbcl</i> gene	FJ038176.1
	<i>Pouteria guianensis</i>	Pogu01	OQ790321	100	<i>Pouteria guianensis</i>	<i>rbcl</i> gene	GQ428635.1
SIMAROUBACEAE	<i>Simaba guianensis</i>	Sigu01	OQ790343	100	<i>Simaba guianensis</i>	<i>rbcl</i> gene	EU043034.1
SOLANACEAE	<i>Lycianthes pauciflora</i>	Lypa01	OQ790262	99.46	<i>Lycianthes pauciflora</i>	<i>rbcl</i> gene	MH749150.1
	<i>Solanum oppositifolium</i>	Soop01	OQ790344	99.81	<i>Solanum spirale</i>	<i>rbcl</i> gene	MH722381.1
	<i>Solanum pedemontanum</i>	Sope01	OQ790345	100	<i>Solanum wrightii</i>	chloroplast, complete genome	MN218084.1

Suplemento 2. Continúa.

Datos del estudio (<i>rbcL</i>)				Datos de GenBank			
Familia	Nombre científico	Código de laboratorio	Número de acceso GenBank	Identidad %	Especie de referencia	Tipo de secuencia	Acceso de referencia
URTICACEAE	<i>Cecropia membranacea</i>	Ceme01	OQ790190	100	<i>Cecropia pachystachya</i>	chloroplast, complete genome	NC_039763.1
VERBENACEAE	<i>Citharexylum poeppigii</i>	Cipo01	OQ790194	99.64	<i>Citharexylum donnell-smithii</i>	<i>rbcL</i> gene	JQ594373.1
VIOLACEAE	<i>Leonia racemosa</i>	Lera01	OQ790260	99.82	<i>Leonia glycyarpa</i> var. <i>racemosa</i>	<i>rbcL</i> gene	AB354423.1
	<i>Rinorea lindeniana</i>	Rili01	OQ790335	99.82	<i>Rinorea squamata</i>	<i>rbcL</i> gene	JQ594469.1
VITACEAE	<i>Cissus erosa</i>	Cier01	OQ790191	100	<i>Cissus erosa</i>	<i>rbcL</i> gene	KJ594161.1
	<i>Cissus erosa</i>	Cier02	OQ790192	99.81	<i>Cissus erosa</i>	<i>rbcL</i> gene	KJ594161.1
	<i>Cissus verticillata</i>	Cive01	OQ790195	99.62	<i>Cissus verticillata</i>	<i>rbcL</i> gene	KJ594168.1