

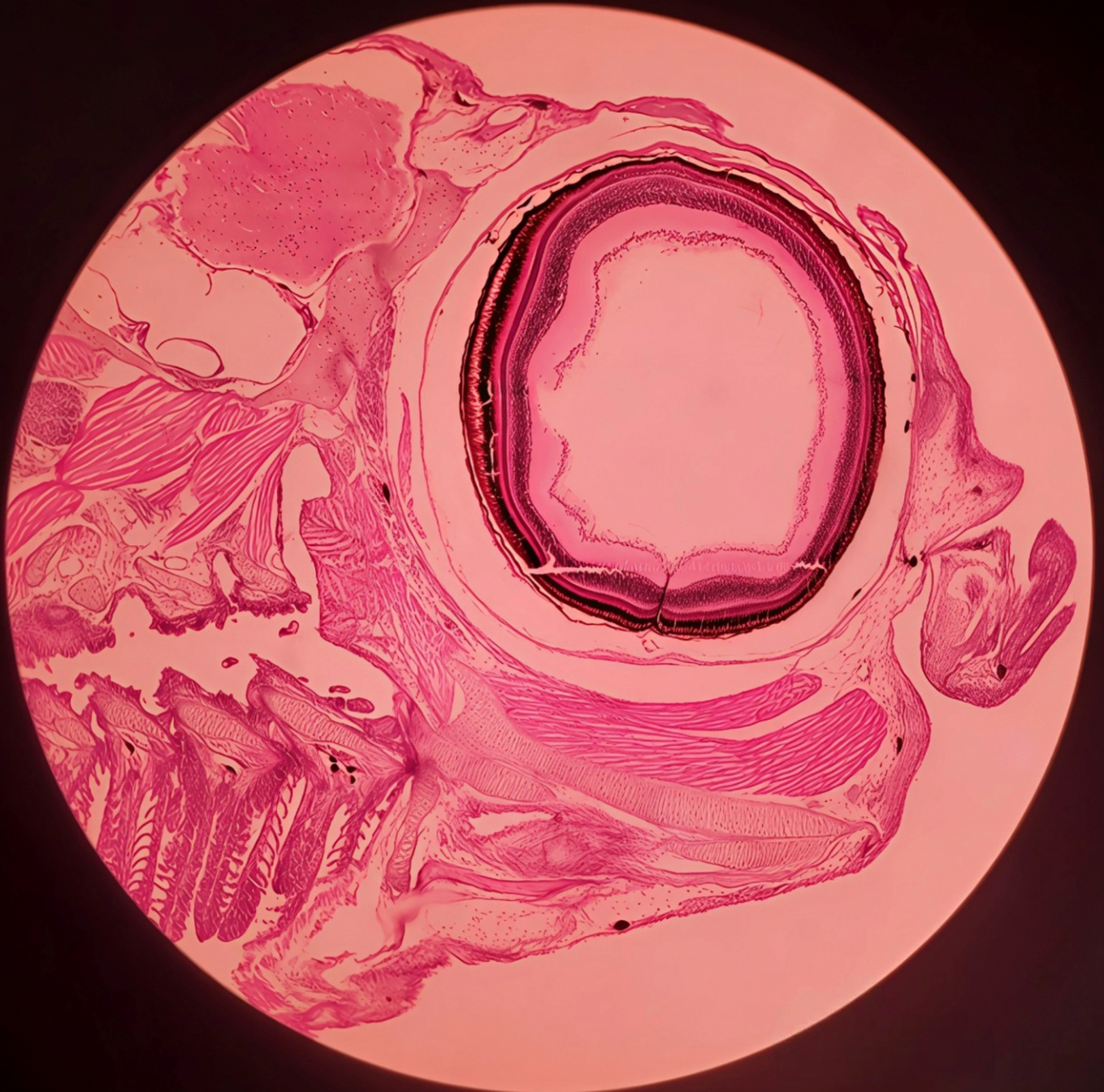
Revista Ciencias del Mar UAS



Julio - Septiembre 2025

Núm. 4 Vol.2

U N I V E R S I D A D A U T Ó N O M A D E S I N A L O A



ISSN (en trámite)



Nota

Científica

Confirmación de la identidad del poliqueto *Amphinome rostrata* registrado en la Bahía de Banderas, Pacífico central mexicano, usando datos del gen mitocondrial 16S

Confirmation of the identity of the polychaete *Amphinome rostrata* recorded in Bahía de Banderas, central Mexican Pacific, using 16S mitochondrial gene data

latindex



CREATIVE COMMONS



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



1. Fabio G. Cupul-Magaña



0000-0003-3832-234X

Centro Universitario de la Costa,
Universidad de Guadalajara,
Av. Universidad 203, Delegación Ixtapa,
Puerto Vallarta 48280, Jalisco México.

Autor de correspondencia: fabio.cupul@academicos.udg.mx



2. Eric Bautista-Guerrero



0000-0002-4975-1767

Centro Universitario de la Costa,
Universidad de Guadalajara,
Av. Universidad 203, Delegación Ixtapa,
Puerto Vallarta 48280, Jalisco México.



3. Amaury Yael Almaraz-Llamas

Centro Universitario de la Costa,
Universidad de Guadalajara,
Av. Universidad 203, Delegación Ixtapa,
Puerto Vallarta 48280, Jalisco México.

Recibido 4 de junio 2025

Aceptado 14 de agosto 2025



Confirmación de la identidad del poliqueto *Amphinome rostrata* registrado en la Bahía de Banderas, Pacífico central mexicano, usando datos del gen mitocondrial 16S

Confirmation of the identity of the polychaete *Amphinome rostrata* recorded in Bahía de Banderas, central Mexican Pacific, using 16S mitochondrial gene data

▶ RESUMEN

Amphinome rostrata (Pallas, 1766) es un gusano poliqueto con una distribución aparentemente cosmopolita. Fue registrado por primera vez en 2024 en la región de Bahía de Banderas, en el Pacífico central mexicano. La identificación de esos ejemplares se basó en características morfológicas de la carúncula y las branquias. En este estudio, la identificación taxonómica es validada mediante evidencia molecular. Específicamente, se realizó un análisis del gen mitocondrial 16S (ARNr) a partir de los ejemplares examinados en el estudio de 2024. Este análisis confirma la presencia de *A. rostrata* en la región, tal vez como una especie invasora con distribución disjunta, no continua, que incluye sitios de registro en el Pacífico occidental y oriental, Índico, golfo de México, mar Caribe, costa atlántica de Sudamérica, así como de la península Ibérica.

Palabras clave: Amphinomidae, especies cosmopolitas, marcador molecular 16S, Parque Nacional Islas Marietas.



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



► ABSTRACT

Amphinome rostrata (Pallas, 1766) is a polychaete worm with a seemingly widespread distribution. The first documented instance of this species was recorded in 2024 at the Bahía de Banderas region, located in the central Mexican Pacific. The identification of these specimens was based on the morphology of the caruncle and branchiae. In this study, we employed a molecular approach to validate the taxonomic identification using molecular evidence. Specifically, we conducted an analysis of the mitochondrial gene 16S (ARNr) from specimens examined in the 2024 study. This analysis confirms the presence of *A. rostrata* in the region, as a potential invasive species with a disjunct distribution that includes recorded locations in the Western and Eastern Pacific, Indian Ocean, Gulf of Mexico, Caribbean Sea, Atlantic coast of South America, and the Iberian Peninsula.

Keywords: Amphinomidae, cosmopolitan species, 16S molecular marker, Islas Marietas National Park.

► INTRODUCCIÓN

Amphinome rostrata (Pallas, 1766) es un gusano poliqueto de la familia Amphinomidae (Yáñez-Rivera, 2009). Su distribución se ha considerado cosmopolita y su localidad tipo se encuentra en la bahía de Bengala, India (Borda, Kudenov, Bienhold, Rouse, 2012; Yáñez-Rivera, 2009; Yáñez-Rivera y Borda, 2021; GBIF Secretariat, 2023; Read y Fauchald, 2025). En México, la especie se ha registrado en el Caribe (Salazar-Vallejo, 1996; Borda et al., 2012) y, recientemente y por primera vez, se observaron ejemplares en la costa del Pacífico en la zona oceánica del Parque Nacional Islas Marietas, Bahía de Banderas, Nayarit (Cortés-Lara, Contreras-Durán, Cupul-Magaña, Cupul-Magaña, 2024). Cinco ejemplares adultos se recolectaron sobre la superficie de una maceta en flotación (esclerobiontes) por Cortés-Lara et al. (2024) y se identificaron como representantes de la especie *A. rostrata* (Fig. 1) por sus características morfológicas distintivas: prostomio pequeño,



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original

carúncula en forma de corazón en el borde posterior, branquias arborescentes con el tronco principal dividido desde la base en múltiples ramificaciones, así como cuerpo segmentado, alargado y rectangular (Yáñez-Rivera, 2009; Liñero-Arana1 y Díaz, 2010; Harris, de León-González, Salazar-Vallejo, 2021; Yáñez-Rivera y Borda, 2021; Cortés-Lara et al., 2024).



Figura 1. Poliqueto esclerobionte *Amphinome rostrata* recolectado por Cortés-Lara et al. (2024) en las inmediaciones de la isla Redonda, Parque Nacional Islas Marietas en Bahía de Banderas, México. El ejemplar con talla aproximada de 45 mm y acompañado de crustáceos *Lepas anatifera*.

 OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



La distribución cosmopolita de *A. rostrata* (Yáñez-Rivera y Borda, 2021), aunada a la similitud con *A. vagans* (Savigny, 1822) por la forma de las ramificaciones branquiales, podrían generar dudas sobre su correcta identificación e invalidar el primer registro de avistamiento en la costa del Pacífico mexicano. De hecho, el uso de datos de secuencias nucleares y mitocondriales dentro del grupo de los anélidos acuáticos, es una herramienta utilizada de forma efectiva para delimitar especies (descripción de nuevas especies y confirmación de especies previamente descritas) y corroborar registros de distribución (Grosse et al., 2025). Así, el objetivo de este trabajo es validar la identificación morfológica de *A. rostrata* registrada por Cortés-Lara et al. (2024), mediante análisis molecular usando el gen mitocondrial 16S (ARNr) obtenido de los ejemplares de poliquetos recolectados en Bahía de Banderas, y confirmar su presencia en el Pacífico central de México.

► MATERIALES Y MÉTODOS

El ADN genómico de dos ejemplares fijados en etanol al 98%, se extrajo con la técnica de precipitación de sales propuesta por Aljanabi y Martínez (1997). Los ejemplares fueron identificados por Cortés-Lara et al. (2024) como *A. rostrata* para Bahía de Banderas y depositados en la Colección de la Estación de Biología Chamela (EBCh) del Instituto de Biología de la Universidad Nacional de Autónoma de México (UNAM). Las secuencias parciales del gen mitocondrial 16S ARNr (~320 pb), se amplificaron con la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y con los cebadores 16sar (5'-CGC CTG TTT ATC AAA AAC AT-3') y 16sbr (5'-CCG GTC TGA ACT CAG ATC ACG T-3') diseñados por Palumbi et al. (2002). Los productos de la PCR se visualizaron en un gel de agarosa al 2% bajo luz ultravioleta y, las reacciones positivas resultantes se purificaron con el uso del kit Wizard SV sistema de limpieza de la PCR (Promega). Los amplicones purificados fueron enviados a Macrogen, Inc., empresa de análisis genéticos con sede en Seúl, Corea, para su secuenciación por el método Sanger.



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



Las dos secuencias obtenidas de ambas direcciones para cada uno de los individuos analizados (forward: F y reverse: R), se editaron y verificaron manualmente con el software Geneious Prime 2025.2.1 para obtener las secuencias consenso. Así, con el uso de la herramienta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool), las secuencias consenso se compararon con secuencias conocidas de la base de datos en línea de secuencias del GenBank de la National Library Medicine del National Center for Biotechnology Information (NCBI) Database (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>; Tabla I, ver leyenda de Fig. 2), para verificar su similitud con especies emparentadas y realizar la búsqueda de secuencias genéticamente cercanas para el análisis de relaciones nucleotídicas. En este proceso no se incluyeron secuencias de *A. vagans* porque no existen en la base de datos del NCBI.

Posteriormente, se realizó un análisis de relaciones de nucleótidos entre las secuencias consenso obtenidas para las dos muestras de los ejemplares de Bahía de Banderas y las secuencias de especies de la subfamilia Amphinominae depositadas y descargadas de la base de datos del NCBI. La alineación de secuencias de ADN se realizó con CLUSTAL W utilizando el programa MEGA12 ver 12.0.9 (Kumar, Stecher, Suleski, Sanderford, Sharma, Tamura, 2024). Las regiones hipervariables con inserciones y deleciones se removieron del alineamiento previamente a la ejecución del análisis.

La alineación final de las secuencias se evaluó para determinar el mejor modelo de sustitución nucleotídica (GTR+G) de acuerdo con el programa JModelTest 2.0 (Posada, 2008). Se generó un árbol filogenético a partir de los métodos de máxima verosimilitud (ML) y Bayesiano (BI) con el uso de los programas MEGA12 ver 12.0.9 (Kumar et al., 2024) y Mr. Bayes 3.2 (Ronquist et al., 2012), respectivamente.

Los análisis de máxima verosimilitud (ML) se ejecutaron con 1000 réplicas bootstrap (Kumar et al., 2024) y la inferencia bayesiana se estimó con dos simulaciones Markov Chain Monte Carlo (MCMC) de más de 500,000 generaciones realizadas con muestreo cada 1000 generaciones (Ronquist et al., 2012). El valor de burnin adecuado se determinó examinando la desviación estándar de las frecuencias de división por debajo de 0.01. Se construyó un árbol consenso con una



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



regla de mayoría del 50% a partir de todas las generaciones muestreadas después del burnin y tras el descarte del 25% de las muestras originales. Por último, se obtuvieron distancias genéticas con el modelo Kimura (K2P) entre los ejemplares evaluados y las especies contenidas en los géneros *Amphinome*, *Cryptonome*, *Branchamphinome*, *Hermodice*, *Eurythoe*, *Hipponoe*, *Pherecardi*, *Pareurythoe* y *Paramphinome* con MEGA12 ver12.0.9 (Kumar et al., 2024). Para enraizar el árbol, se utilizaron especie del género *Chloeia* como grupo externo, pues al ser un género distinto incluido en la misma familia (Amphinomidae) y presentar distinta morfología, se aseguró su posición fuera del grupo interno al actuar como punto de referencia para inferir el ancestro común del grupo interno; además, otro criterio importante para la selección del grupo externo, fue la disponibilidad de datos de secuencias en el NCBI (Hillis, Allard, Miyamoto, 1993; Swofford, 2003). Las secuencias generadas en este estudio para los dos ejemplares registrados en la Bahía de Banderas, Pacífico central mexicano, se depositaron en el GenBank con los siguientes números de acceso: PV730333, Pv730334.

Tabla I.- Matriz de distancias genéticas por pares (K2P) entre especies seleccionadas de Amphinominae, utilizando el gen 16S ARNr. Los valores de las distancias genéticas (K2P) están en negritas (diagonal inferior izquierda) y el error estándar estimado (diagonal superior derecha) sin negritas.

16S ARNr	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1 <i>Amphinome rostrata</i> (PM)	-	0.000	0.000	0.029	0.033	0.023	0.043	0.044	0.045	0.037	0.053	0.036	0.055	0.061
2 <i>Amphinome rostrata</i> JN223398 (MED)	0.000	-	0.000	0.029	0.033	0.023	0.043	0.044	0.045	0.037	0.053	0.036	0.055	0.061
3 <i>Amphinome rostrata</i> JN086560 (MED)	0.000	0.000	-	0.029	0.033	0.023	0.043	0.044	0.045	0.037	0.053	0.036	0.055	0.061
4 <i>Cryptonome barbada</i> NC037947 (ATL)	0.154	0.154	0.154	-	0.029	0.022	0.044	0.036	0.041	0.033	0.053	0.030	0.044	0.062
5 <i>Cryptonome turcica</i> MH588299 (MED)	0.198	0.198	0.198	0.167	-	0.028	0.042	0.037	0.040	0.041	0.053	0.036	0.047	0.072
6 <i>Cryptonome conclava</i> JN086553 (MED)	0.114	0.114	0.114	0.124	0.156	-	0.044	0.038	0.044	0.036	0.051	0.038	0.044	0.060
7 <i>Branchamphinome kohzukai</i> MZ568464 (PN)	0.266	0.266	0.266	0.230	0.264	0.270	-	0.041	0.046	0.042	0.038	0.025	0.046	0.086
8 <i>Hermodice runcinata</i> MF503063 (ATL)	0.266	0.266	0.266	0.219	0.230	0.236	0.260	-	0.039	0.038	0.043	0.039	0.040	0.057
9 <i>Eurythoe complanata</i> KY972389 (?)	0.272	0.272	0.272	0.248	0.265	0.260	0.291	0.229	-	0.41	0.058	0.042	0.045	0.053
10 <i>Hipponoe gaudichaudi</i> JN086561 (MED)	0.218	0.218	0.218	0.198	0.271	0.218	0.259	0.236	0.304	-	0.057	0.037	0.043	0.058
11 <i>Pherecardi striata</i> MZ568463 (PN)	0.349	0.349	0.349	0.350	0.386	0.342	0.235	0.283	0.405	0.375	-	0.040	0.053	0.073
12 <i>Pareurythoe borealis</i> JN086559 (MED)	0.218	0.218	0.218	0.170	0.229	0.223	0.133	0.252	0.266	0.230	0.259	-	0.044	0.073
13 <i>Paramphinome jeffreysii</i> GQ478121 (?)	0.345	0.345	0.345	0.291	0.301	0.288	0.297	0.258	0.295	0.282	0.350	0.266	-	0.074
14 <i>Chloeia flava</i> JN086554 (MED)	0.410	0.410	0.410	0.396	0.478	0.393	0.542	0.372	0.422	0.387	0.482	0.464	0.480	-

Distribución: Pacífico central mexicano (PM), Mar Mediterráneo (MED), Atlántico (ATL), Pacífico Norte (PN), sin datos (?).

Referencias: 2) JN223398, 3) JN086560, 6) JN086553, 10) JN086561, 12) JN086559, 14) JN086554 en Borda et al. (2012); 4) NC037947 en Barroso et al. (2018); 5) MH588299 en Yokes et al. (2018); 7) MZ568464, 11) MZ568463 en Jimi, Hookabe, Tani, Yoshida, Imura (2021); 8) MF503063 en Seixas, Zanol, Toste, Paiva (no publicado); 9) KY972389 en Bernardino, Li, Smith, Halanych (2017); 13) GQ478121 en Zanol, Halanych, Struck, Fauchald (2010).



Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original

▶ RESULTADOS

La reconstrucción filogenética con el gen 16S ARNr se analizó con 24 secuencias (302 bp seleccionadas, 166 sitios conservados, 136 sitios variables y 112 sitios parsimoniosamente informativos). Los análisis por el método BI y ML, fueron congruentes y ubicaron a los dos ejemplares de poliquetos analizados de Bahía de Banderas dentro de un subclado con buen soporte de rama (valor bootstrap = 98; valor posterior = 1.0; Fig. 2) con otros miembros del género *Amphinome* (Fig. 2).

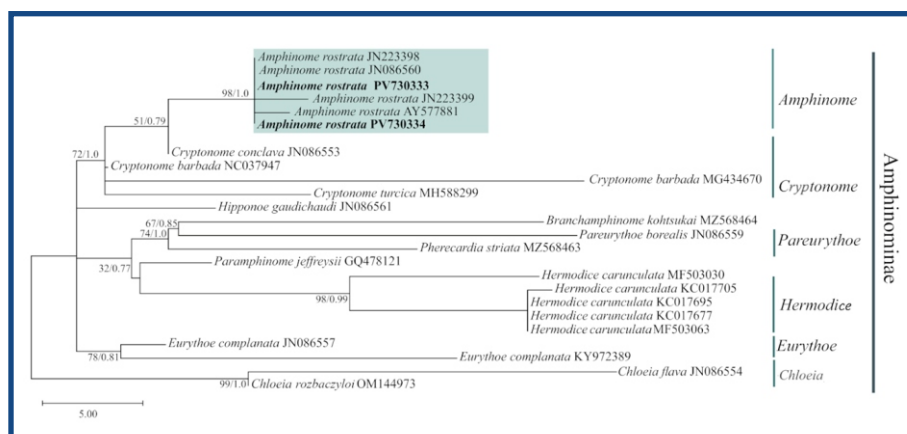


Figura 2. Reconstrucción filogenética basada en el marcador mitocondrial 16S. Los valores de cada nodo corresponden a los bootstrap y a las probabilidades posteriores de los clados principales reconstruidos con el árbol de consenso estricto generado con los métodos ML y BI, respectivamente. El recuadro resaltado en la parte superior de la figura, corresponde al género *Amphinome* y a las secuencias de los ejemplares de la especie *Amphinome rostrata* registrada en Bahía de Banderas (estas últimas resaltadas en negritas). Los números de acceso de GenBank están ubicados después del nombre de cada taxón. La barra de escala, abajo a la izquierda, indica la distancia evolutiva. Referencias: JN223399, AY577881, JN086557 en Borda et al. (2012); MG434670 en Barroso et al. (2018); MF503063 en Seixas et al. (no publicado); KC017705, KC017695, KC017677 en Ahrens et al. (2013); OM144973 en Cañete, Romero, Easton, Mecho, Sellanes (2023).

Este subclado se conforma por secuencias de los dos ejemplares de la Bahía de Banderas (números de acceso: PV730333, PV730334), junto con cuatro ejemplares que, de acuerdo con la información contenida en el GenBank (entre paréntesis el número de acceso), corresponden a secuencias de ejemplares recolectados en el Farallón de Pájaros en las Islas Marianas (JN223398), en la North Stradbroke Island en Australia (JN086560), en Australia (AY577881) y en la playa mexicana de Xahuayxol, Quintana Roo (JN223399) (Fig. 2), todos ellos pertenecientes a la especie *A. rostrata*.

OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



Adicionalmente, las distancias genéticas (K2P) calculadas con el gen mitocondrial 16S entre los grupos seleccionados de la familia Amphinomidae (Tabla I), evidencian una distancia genética de 0.000 ± 0.000 (\pm es el error estándar estimado) entre todos los ejemplares de distintas regiones geográficas, todos ellos pertenecientes a la especie *A. rostrata*. Contrastantemente, todas las comparaciones intergenéricas demuestran que los ejemplares de *A. rostrata* son genéticamente distantes de los otros miembros pertenecientes a los géneros *Cryptonome*, *Branchamphinome*, *Hermodice*, *Eurythoe*, *Hipponoe*, *Pherecardi*, *Pareurythoe*, *Paramphinome* y *Chloeia*, con valores de distancia genética que oscilan entre $0.154-410 \pm 0.029-0.061$.

► DISCUSIÓN

La evidencia molecular (relaciones nucleotídicas y distancias genéticas) con el uso del marcador 16S ARNr, evidenció que los dos ejemplares de *A. rostrata* identificados para la Bahía de Banderas en el Pacífico central mexicano y los *A. rostrata* de las otras tres regiones geográficas utilizados en la comparación (islas Marianas, Australia y Quintana Roo), corresponden a la misma especie. Así, este resultado valida la identificación taxonómica realizada previamente para los ejemplares de la Bahía de Banderas, la cual únicamente se basó en la revisión de caracteres morfológicos (Cortés-Lara et al., 2024).

Por otro lado, la distancia genética de cero obtenida con el marcador genético utilizado (16S), es una indicación contundente de que las muestras analizadas pertenecen a la misma especie y corresponden a *A. rostrata*. Adicionalmente, el análisis de relaciones nucleotídicas con dos métodos distintos (BI y ML), formó un subclado de ejemplares que contenía a la especie *A. rostrata* de la Bahía de Banderas y de las otras tres regiones geográficas. Esta agrupación se recuperó en una politomía altamente emparentada con otras especies de poliquetos pertenecientes a los géneros *Cryptonome*, *Pareurythoe*, *Hermodice* y *Eurythoe*, todos ellos recuperados como grupos hermanos y contenidos dentro de un clado que corresponde a la subfamilia Amphinominiinae del orden Polychaeta.



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



Esta aproximación integrativa y validación de la identificación taxonómica, confirma la presencia de *A. rostrata* en el Pacífico central mexicano y la ampliación en su distribución disjunta, que incluye localidades dispersas en el Pacífico occidental y oriental, Índico, golfo de México, mar Caribe, costa atlántica de Sudamérica, así como de la península Ibérica. Y, de acuerdo con la definición de Blackburn et al. (2011), *A. rostrata* puede ser considerada como una especie invasora, pues sus representantes se dispersan (en este caso, flotando sobre una maceta), sobreviven y se reproducen en múltiples sitios a lo largo de un espectro más o menos amplio de hábitats y de área de distribución geográfica.

A pesar de la validación de la identificación molecular de la especie, aún se requiere confirmar si *A. rostrata* ha colonizado otros tipos de sustratos costeros o insulares en la región, pues los ejemplares de Bahía de Banderas se encontraron sobre una maceta a la deriva. Además, dada la similitud morfológica entre *A. rostrata* y *A. vagans*, será necesario realizar su delimitación tanto morfológica como molecular de ambas especies, o bien, demostrar que son sinónimas.

La relevancia de realizar una comparación con *A. vagans* es porque aunque la especie fue descrita originalmente para el Reino Unido, fue registrada por Chamberlin (1919) en un madero flotante frente a Acapulco, Guerrero, sitio ubicado a casi 760 km al sur de Bahía de Banderas, y cuya descripción de sus ramificaciones branquiales no se ha confirmado desde que Savigny las resaltó en 1822 (Yáñez-Rivera, 2009).

Además, los ejemplares juveniles de *A. vagans* recolectados por Chamberlin (1919) están depositados en las Invertebrate Zoology Collections del National Museum of Natural History (NMNH 19329: <http://n2t.net/ark:/65665/357df51c2-9089-4df9-b152-cce2192ea861>), pero registrados con el nombre de *A. rostrata*, pues fueron vueltos a identificar (se desconocen las anotaciones sobre la corrección del nombre) por Marian Hope Pettibone, una reconocida especialista en el grupo y curadora del NMNH (Anónimo, 2024). Así, hasta no confirmarlo, se supondría que el registro de los ejemplares de *A. rostrata* (antes *A. vagans*) recolectados el 14 de octubre de 1904 en Acapulco, Guerrero por Chamberlin (1919), sería el primero para El Pacífico mexicano y, el registro de Cortés-Lara et al. (2024) en la Bahía de Banderas, el segundo.



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



► AGRADECIMIENTOS

Al editor asociado y a quienes realizaron la revisión anónima del manuscrito por sus valiosos comentarios.

► LITERATURA CITADA

Ahrens, J. B., Borda, E., Barroso, R., Paiva, P. C., Campbell, A. M., Wolf, A., Nugues, M. M., Rouse, G. W., & Schulze, A. (2013). The curious case of *Hermodice carunculata* (Annelida: Amphinomidae): evidence for genetic homogeneity throughout the Atlantic Ocean and adjacent basins. *Molecular Ecology*, 22(8), 2280–2291. doi: 10.1111/mec.12263

Aljanabi, S. M., & Martinez, I. (1997). Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research*, 25(22), 4692–4693. doi: 10.1093/nar/25.22.4692

Anónimo. (2024). *Dr. Marian Pettibone discovered and described new forms of oceanic life.* https://womenshistory.si.edu/blog/dr-marian-pettibone-discovered-and-described-new-forms-of-oceanic-life/?utm_content=1751979201&utm_medium=social&utm_source=facebook

Barroso, R., Kudenov, J. D., Halanych, K. M., Saeedi, H., Sumida, P. Y. G., & Bernardino, A. F. (2018). A new species of xylophilic fireworm (Annelida: Amphinomidae: Cryptonome) from deep-sea wood falls in the SW Atlantic. *Deep Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers*, 137, 66–75. doi: 10.1016/j.dsr.2018.05.005

Bernardino, A. F., Li, Y., Smith, C. R., & Halanych, K. M. (2017). Multiple introns in a deep-sea Annelid (*Decemunciger*: Ampharetidae) mitochondrial genome. *Scientific Reports*, 7, 4295. doi: 10.1038/s41598-017-04094-w



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



- Blackburn, T. M., Pyšek, P., Bacher, S., Carlton, J. T., Duncan, R. P., Jarošík, V., Wilson, J. R. U., & Richardson, D. M. (2011).** A proposed unified framework for biological invasions. *Trends in Ecology and Evolution*, 26(7), 333-339. doi: 10.1016/j.tree.2011.03.023
- Borda, E., Kudenov, J. D., Bienhold, C., & Rouse, G. W. (2012).** Towards a revised Amphinomidae (Annelida, Amphinomida): description and affinities of a new genus and species from the Nile Deep-sea Fan, Mediterranean Sea. *Zoologica Scripta*, 41(3), 307–325. doi:10.1111/j.1463-6409.2012.00529.x
- Cañete, J. I., Romero, M. S., Easton, E. E., Mecho A., & Sellanes, J. (2023).** *Chloeia rozbaczyloi*, a new species of polychaete (Archinominae: Amphinomidae) and first record of the family for the Nazca Ridge, southeastern Pacific Ocean. *Deep Sea Research Part I: Oceanographic Research Papers*, 199(2), 104–110. doi: 10.1016/j.dsr.2023.104110
- Chamberlin, R. V. (1919).** The Annelida Polychaeta of the Albatross Tropical Pacific Expedition, 1891–1905. *Memoirs of the Museum of Comparative Zoology, Harvard College*, 48, 1–514. doi: 10.5962/bhl.title.49195
- Cortés-Lara, M. C., Contreras Durán, C. U., Cupul-Magaña, A. L., & Cupul-Magaña, F. G. (2024).** Registro de invertebrados esclerobiontes, incluido el poliqueto anfinómico *Amphinome rostrata* (Pallas, 1766), en Bahía de Banderas, Pacífico central mexicano. *Revista Ciencias del Mar, UAS*, 1(2), 59–66.
- GBIF Secretariat (2023).** *Amphinome rostrata* (Pallas, 1766). GBIF Backbone Taxonomy. Checklist dataset <https://doi.org/10.15468/39omei> accessed via GBIF.org on 2025-05-29. <https://www.gbif.org/es/species/5197001>.
- Grosse, M., Nygren, A., Meißner, K., Struck, T., Kongsrud, J. A., Alvestad, T., Bakken, T., Pons, J., & Capa, M. (2025).** Molecular investigation of the diversity of Cirratulidae (Annelida) doubles the number of known species in European waters. *Zoologica Scripta*, 0, 1–12. doi: 10.1111/zsc.12729



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



- Harris, L. H., de León-González, J. A., & Salazar-Vallejo, S. I. (2021).** 2. Morfología, métodos, clave para familias y clasificación. En J. A. de León-González, J. R. Bastida-Zavala, L. F. Carrera-Parra, M. E. García-Garza, I. Salazar-Vallejo, V. Solís-Weiss, & M. A. Tovar-Hernández (Eds.), *Anélidos marinos de México y América Tropical* (pp. 9–39). Monterrey, Nuevo León: Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Hillis, D. M., Allard, M. W., & Miyamoto, M. M. (1993).** [34] Analysis of DNA sequence data: phylogenetic inference. *Methods in Enzymology*, 224, 456–487. doi: 10.1016/0076-6879(93)24035-S
- Jimi, N., Hookabe, N., Tani, K., Yoshida, R., & Imura, S. (2021).** The phylogenetic position of *Branchamphinome* (Annelida, Amphinomidae) with a description of a new species from the North Pacific Ocean. *Zoological Science*. 39(1), 99–105. doi: 10.2108/zs210051
- Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024).** MEGA X: Molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular Biology and Evolution*, 41, 1–9. doi: 10.1093/molbev/msy096
- Liñero-Aranal, I., & Díaz, Ó. (2010).** Amphinomidae y Euphrosinidae (Annelida: Polychaeta) de la costa nororiental de Venezuela. *Latin American Journal of Aquatic Research*, 38(1), 107–120. doi: 10.3856/vol38-issue1-fulltext-10
- Palumbi, S. R., Martin, A., Romano, S., McMillan, W. O., Stice, L., & Grabowski, G. (2002).** The Simple Fool's Guide to PCR, version 2.0. University of Hawaii: Honolulu, HI. https://stacks.stanford.edu/file/druid:yh393jm6703/Simple_Fool%27s_Master%20PCR.pdf
- Posada, D. (2008).** jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7), 1253–1256. doi: 10.1093/molbev/msn083



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



- Read, G., & Fauchald, K. (2025).** World Polychaeta Database. *Amphinome rostrata* (Pallas, 1766). World Register of Marine Species (WoRMS). <https://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=129825>
- Ronquist, F., Teslenko, M., van der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M. A., & Huelsenbeck, J. P. (2012).** MrBayes 3.2: Efficient bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61(3), 539–542. doi: 10.1093/sysbio/sys029
- Salazar-Vallejo, S. I. (1996).** Lista de especies y bibliografía de poliquetos (Polychaeta) del gran Caribe. *Anales del Instituto de Biología Universidad Nacional Autónoma de México, Serie Zoología*, 67(1), 11–50.
- Swofford, D. L. (2003).** *PAUP*. Phylogenetic analysis using parsimony (*and Other Methods). Vers. 4d10*. Sinauer: Sunderland.
- Yáñez-Rivera, B. (2009).** 7. Amphinomidae Savigny in Lamarck, 1818. En J. A. de León-González, J. R. Bastida-Zavala, L. F. Carrera-Parra, M. E. García-Garza, A. Peña-Rivera, S. I. Salazar-Vallejo, & V. Solís-Weiss (Eds.), *Poliquetos (Annelida: Polychaeta) de México y América Tropical. Tomo I* (pp. 77–87). Monterrey, Nuevo León: Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Yáñez-Rivera, B., & E. Borda (2021).** 8. Amphinomidae Savigny in Lamarck, 1818. En J. A. de León-González, J. R. Bastida-Zavala, L. F. Carrera-Parra, M. E. García-Garza, I. Salazar-Vallejo, V. Solís-Weiss, & M. A. Tovar-Hernández (Eds.), *Anélidos marinos de México y América Tropical* (pp. 105–119). Monterrey, Nuevo León: Universidad Autónoma de Nuevo León.
- Yokes, M. B., Andreou, V., Bakiu, R., Bonanomi, S., Camps, J., Christidis, G., Crocetta, F., Giovos, I., Gori, A., Juretic, T., Karhan, S. Ü., Katsanevakis, S., Kytinou, E., Langeneck, J., Lipej, L., Maximiadi, M., Michailidis, N., Mitsou, E., Nicolaidou, A., Petovic, S., Prado, P., Santin, A., Teneketzis, K., Thasitis, I., Tirelli, V., Trkov, D., Troplini, E., Tsiamis, K., & Vannucci, A. (2018).** New Mediterranean Biodiversity Records (November 2018). *Mediterranean Marine Science*, 19(3), 673–689.

**OPEN ACCESS**

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original



Zanol, J., Halanych, K. M., Struck, T. H., & Fauchald, K. (2010). Phylogeny of the bristle worm family Eunicidae (Eunicida, Annelida) and the phylogenetic utility of noncongruent 16S, COI and 18S in combined analyses. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 55(2), 660–676. doi: 10.1016/j.ympev.2009.12.024



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el original