

**UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
CAMPUS LOS ÁNGELES
ESCUELA DE CIENCIAS Y TECNOLOGÍA
DEPARTAMENTO DE CIENCIAS Y TECNOLOGÍA VEGETAL**



**BÚSQUEDA DE MARCADORES MOLECULARES PARA POTENCIAL
IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE 4 GÉNEROS PRESENTES EN EL
DESIERTO FLORIDO**

**PROYECTO DE TÍTULO PARA
OPTAR AL GRADO DE
INGENIERA EN
BIOTECNOLOGÍA VEGETAL**

**ESTEPHANIE SALAMANCA GUTIÉRREZ
LOS ÁNGELES-CHILE
2022**

**BÚSQUEDA DE MARCADORES MOLECULARES PARA POTENCIAL
IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES DE 4 GÉNEROS PRESENTES EN EL
DESIERTO FLORIDO**

Alumna

Estephanie Salamanca Gutiérrez
Ingeniera en biotecnología vegetal

Profesora guía

MSc. Carol Peña Hernández
Bióloga

Jefe de Carrera

Ing. Pedro Quiroz Hernandez
Profesor Instructor

Agradecimientos

A mi soporte emocional, Kelly...

Índice

	Resumen.....	5
	Abstract.....	6
1.	Introducción.....	7
2.	Marco teórico.....	9
	1. Marcadores moleculares.....	9
	2. Código de barras.....	10
	3. Desierto de Atacama.....	11
	4. Desierto florido.....	12
	5. Caracteres filogenéticamente informativos.....	16
3.	Objetivos.....	17
	1. Objetivo general.....	17
	2. Objetivos específicos.....	17
4.	Metodología.....	18
	1. Búsqueda y selección de taxones.....	18
	2. Alineación de secuencias.....	18
	3. Obtención de caracteres filogenéticamente informativos.....	19
	4. Análisis de agrupamiento (UPGMA).	19
5.	Resultados.....	20
	1. Búsqueda y selección de taxones.....	20
	2. Alineamiento de secuencias.....	22
	3. Obtención de caracteres filogenéticamente informativos.....	22
	4. Análisis de agrupamiento (UPGMA).	26
6.	Discusión.....	43
7.	Conclusión.....	47
8.	Bibliografía.....	48
9.	Anexo	54

Resumen

La delimitación e identificación rápida y precisa de una especie es la base para la conservación de la biodiversidad. El desierto de Atacama, uno de los lugares más áridos de la Tierra, posee una riqueza en plantas nativas las cuales sólo son visibles los años en que la zona experimenta eventos de lluvia. El Desierto florido es un evento en el cual ocurre el rápido florecimiento de múltiples especies endémicas luego de acumular los milímetros de lluvia requeridos. Es de duración breve y se da en distintos tiempos y sectores del Desierto de Atacama; entre las regiones de Atacama y Coquimbo donde se presentan condiciones más favorables de humedad que permiten el desarrollo de vegetación herbácea. Debido a esto es que la identificación de especies tradicional no es suficiente. Una alternativa que podría ayudar a resolver los problemas relacionados con la identificación de especies es el uso de marcadores moleculares. Con este fin es que se realizó una búsqueda de marcadores moleculares, y potenciales códigos de barra, para 4 géneros taxonómicamente diversos en el desierto florido de Atacama, estos son: *Cistanthe*, *Cristaria*, *Heliotropium* y *Nolana*. Se obtuvo el porcentaje de caracteres filogenéticamente informativos (CFI%) en cada marcador encontrado y se realizaron análisis de agrupamiento (UPGMA) para evaluar la utilidad de cada uno. En los cuatro géneros estudiados, los marcadores nucleares fueron encontrados los más aptos para la identificación a nivel de especie, el único género donde los marcadores cloroplastidiales analizados fueron informativo es en *Heliotropium*.

Abstract

The rapid and accurate delimitation and identification of a species is the basis for the conservation of biodiversity. The Atacama Desert, one of the drier places on Earth, has a wealth of native plants which are only visible in years when the area experiences rain events. The Flowering Desert is an event in which the rapid flowering of multiple endemic species occurs after accumulating the required millimeters of rain. It is short-lived and occurs at different times and sectors of the Atacama Desert. This is why traditional species identification is not enough. An alternative that could help solve problems related to species identification is the use of molecular markers. To this end, a search for molecular markers and potential barcodes was carried out for the 4 taxonomically richest genera in the flowering desert of Atacama, these are: *Cistanthe*, *Cristaria*, *Heliotropium* and *Nolana*. The percentage of phylogenetically informative characters (CFI%) in each marker found was obtained and clustering dendrograms (UPGMA) were constructed to evaluate the usefulness of each one. In the four genera studied, the nuclear markers were found to be the most suitable for identification at the species level and in the case of *Heliotropium* a plastid marker was also suggested based on what was obtained, in the other genera it was not possible to propose plastid markers. It is advisable to continue studies in all genres.

I. Introducción

La clasificación tradicional de las plantas se ha basado en rasgos morfológicos, citológicos, bioquímicos y ecológicos de manera individual y/o combinados (Fišer and Buzan 2013). El desarrollo de la biología molecular, como el avance de las técnicas basadas en la PCR, la secuenciación y las diversas herramientas bioinformáticas para el análisis de datos, ha proporcionado métodos para la investigación de las relaciones filogenéticas (Ali *et al.* 2015). La delimitación e identificación rápida y precisa de una especie es la base para la conservación de la biodiversidad y es una de las claves para mejorar la gestión y conservación de las especies (Mosa *et al.* 2019).

El desierto de Atacama, ubicado en el norte de Chile (de 18°24'S a 29°55'S), es considerado el lugar más seco de la Tierra (Astorga 2020). Se caracteriza por una combinación de clima subtropical de alta presión y la fría corriente costera de Humboldt que crea una constante inversión de temperatura, vientos marinos y efecto de sombra que restringen la advección de humedad de oeste (Océano Pacífico) a este (Cordillera de Los Andes) (Astorga 2020). La costa del sur del desierto de Atacama se caracteriza por periodos de sequía variables, seguida de eventos de precipitación invernal de al menos 15 mm, que traen como consecuencia un incremento en la cobertura vegetal. Las especies de plantas que se desarrollan son principalmente anuales de vida corta, geófitas bulbosas y arbustos. Su rápido crecimiento y abundante floración después de la lluvia es un fenómeno conocido localmente como Desierto Florido (Herrera *et al.* 2018). Las especies que crecen en este ambiente se caracterizan por crecer en un breve periodo y por no florecer al mismo tiempo (Vidiella *et al.* 1999). Debido a esto, es que los estudios florísticos en ambientes áridos pueden subestimar la diversidad al pasar por alto especies raras, inactivas o aquellas que germinan bajo condiciones ambientales particulares (Carrasco *et al.* 2021). Estos taxones no observados se denominan diversidad oculta (Pärtel 2014), que solo se pueden identificar mediante estudios a largo plazo, los que permiten una mejor comprensión de la diversidad de plantas, revelada por floraciones en años favorables (Carrasco *et al.* 2021).

Una alternativa que podría ayudar a resolver los problemas relacionados con la identificación de especies es el uso de marcadores moleculares, principalmente porque es una herramienta que puede ser utilizada de forma rápida y confiable, que no depende de un experto en el área como lo es un taxónomo (Šmarda *et al.* 2014)

Las técnicas moleculares y genómicas se utilizan en una variedad de estudios de biodiversidad vegetal, incluida la creación de códigos de barras de ADN para grandes grupos taxonómicos (Mosa *et al.* 2019). Esta es una técnica que se utiliza para caracterizar especies mediante la secuenciación de una región genómica estandarizada (Fahner *et al.* 2016). El desafío más importante en el código de barras de ADN de plantas es la discriminación entre especies, en particular entre aquellas estrechamente relacionadas. Se ha demostrado que los códigos de barras se pueden aplicar con éxito para clasificar especies de herbario (de Vere *et al.* 2015), estudiar la diversidad (Van der Heyde *et al.* 2020) y discriminar taxones en familias con taxonomía compleja (Contreras *et al.* 2020).

Comprender y monitorear la flora única del desierto de Atacama es esencial para actualizar los conocimientos científicos en la zona, así como para generar los datos necesarios para los esfuerzos de conservación sostenible del ecosistema (Carrasco *et al.* 2021). Es por esto que, en este trabajo se realizará un análisis de los marcadores moleculares, utilizados hasta este momento en algunos grupos de plantas y establecer su potencial para ser aplicados en una identificación precisa de taxones del desierto de Atacama.

II. Marco Teórico

1. Marcadores moleculares

Los marcadores moleculares son secuencias de nucleótidos que pueden investigarse a través del polimorfismo presente entre las secuencias de diferentes individuos (Nadeem *et al.* 2018). Estos polimorfismos son variaciones en el ADN que pueden aparecer debido a mutaciones del ADN, como sustituciones (mutaciones puntuales), reordenamientos (deleciones o inserciones) y secuencias de ADN repetidas (Iordăchescu *et al.* 2020). Las técnicas empleadas son muy diversas y dan el nombre a los distintos tipos de marcadores, los cuales pueden ser de carácter dominante o codominante (Azofeifa 2006). Para que un marcador molecular se considere ideal para su uso en una técnica específica, debe poseer ciertas características, que incluyen alto nivel de polimorfismo, codominancia de alelos, alta reproducibilidad y que sea de ensayo rápido y fácil (Mosa *et al.* 2019).

2. Código de barras de ADN

El concepto de utilizar ADN para propósitos de identificación a gran escala fue propuesto seriamente por primera vez por Hebert (2003), quien consideró que los códigos de barras de ADN eran la opción ideal para la identificación y descripción taxonómica generalizada, frente a la escasa experiencia taxonómica y a la tasa dramática de pérdida de biodiversidad. El concepto se basa en la identificación de muestras mediante utilización de una o algunas regiones específicas de ADN y su comparación con una base de datos de referencia (de Vere *et al.* 2015; Fahner *et al.* 2016). La selección del segmento adecuado de ADN es fundamental para la eficacia de los códigos de barras de ADN. Su tasa de mutación debe ser lo suficientemente lenta como para minimizar la variación intraespecífica, pero lo suficientemente rápida como para resaltar la variación interespecífica (Hebert *et al.* 2003). Este segmento generalmente se encuentra en el genoma mitocondrial para los animales y en el genoma cloroplastidial para las plantas. El genoma del cloroplasto puede contener marcadores de código de barras adecuados porque está presente en cada célula vegetal en una gran cantidad de copias y consiste en una secuencia de genes conservada (Fišer y Buzan 2014).

Herbert *et al.* (2003) establecieron como código de barras para los animales una parte del gen del Citocromo oxidasa C (COI), el cual fue aceptado y ha sido utilizado

hasta la actualidad por diversos autores (Miller *et al.* 2016; Yang *et al.* 2018; Wangensteen *et al.* 2018; Schmid *et al.* 2019; Wu *et al.* 2019; Hajibabaei *et al.* 2019; Zhang & Bu 2022). El CBOL (Barcode of Life) actualmente tiene una base de datos en donde pueden encontrarse múltiples autores y códigos de barras para distintos niveles taxonómicos (Miller *et al.* 2016). En el caso de las plantas no existe un único gen que cumpla con las condiciones necesarias para ser seleccionado como código de barras universal. Sin embargo, el Consorcio para el Código de Barras de la Vida propuso en 2009 el uso combinado de secciones de los genes cloroplastidiales *matK* y *rbcL* como código de barras para las plantas, ya esta combinación fue capaz de identificar el 70% de las especies analizadas (CBOL Plant Working Group 2009). En el 2011, la región del espaciador transcrito interno ribosómico nuclear (ITS) fue sugerida como una fuente alternativa de código de barra para la flora, y en los casos en los que fuese difícil amplificar y secuenciar directamente ITS en su totalidad, recomendaron el solo uso de ITS2, considerado más fácil amplificar y secuenciar (China Plant BOL Group *et al.* 2011). Actualmente, un número de casos cada vez mayor de estudios indica que los códigos de barras de ADN universales de plantas tienen una divergencia menor y un poder discriminatorio insuficiente (Wang *et al.* 2021). Es por esto que en diversos estudios se utilizan loci combinados para diferenciar entre taxones con precisión (por ejemplo, Li *et al.* 2017). La generación de información para la implementación de código de barras en diferentes especies de plantas sería una herramienta muy útil, en especial en estudios de diversidad de plantas, donde con los métodos tradicionales solo es posible capturar un instante del crecimiento de las plantas existentes y puede fallar al observar especies a las que les falten caracteres de diagnóstico, como flores, así como plantas efímeras, crípticas o inactivas, o aquellas en donde se disponga solo de restos de ejemplares (Coissac *et al.* 2012; Fišer and Buzan 2013; Fahner *et al.* 2016).

3. Desierto de Atacama

El desierto de Atacama es considerado el desierto más seco de la Tierra (Merklinger *et al.* 2020). Se extiende por 1.600 km a lo largo de la costa desde Arica (18°24'S)

hasta el sur de La Serena (29°55'S) (Troncoso 2020). Se encuentra entre la Cordillera de los Andes y la costa del Océano Pacífico (Astorga 2020).

En el desierto de Atacama existe una gran amplitud térmica, con un fuerte contraste de temperatura entre las fases extremas del ciclo diario (Troncoso 2020), alcanzando los 30°C durante el día y descendiendo a 1°C durante la noche (BCN, página web <https://www.bcn.cl/siit/nuestropais/region2/clima.htm>). La niebla en Atacama es el resultado de interacciones complejas entre la atmósfera y la tierra y su influencia espacial se restringe a un tramo estrecho (aproximadamente 10 km de ancho) junto a los escarpados acantilados costeros de esta región desértica (Chávez *et al.* 2019). Hacia el interior el clima es seco, con bajas tasas de humedad relativa, salvo en valles que permiten el ingreso de aire húmedo costero conocido como Camanchaca (Troncoso 2020). Hacia la costa, debido a la presencia de la camanchaca, se generan formaciones de loma, denominadas cinturones fértiles u oasis de niebla las que se caracterizan por tener una flora única y rica en especies con un alto grado de endemismo (Merklinger *et al.* 2020; Böhnert *et al.* 2022).

Gajardo (1994) divide la región del desierto en cuatro sub-regiones: Desierto Absoluto, Desierto Costero, Desierto Andino y Desierto florido.

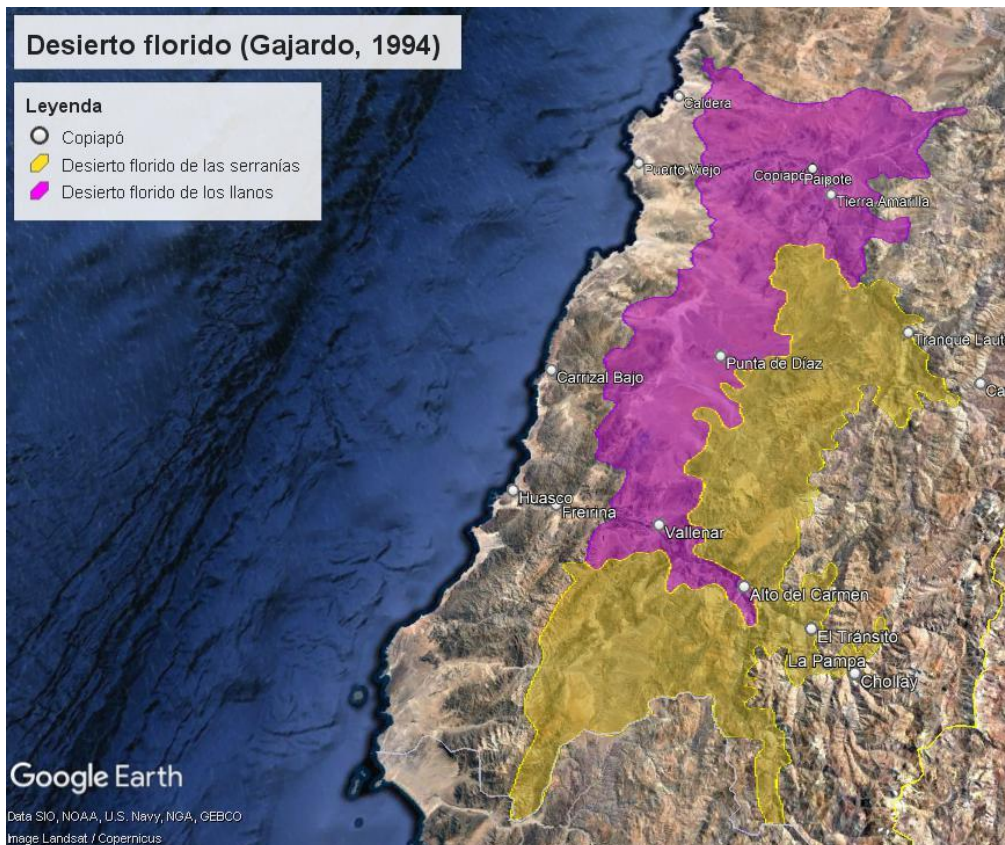


Imagen 1. Mapa del desierto florido (Gajardo, 1994), donde la zona delimitada de color rosado indica la zona de llanos y el color amarillo las serranías.

4. Desierto florido

El único cambio relevante en la cobertura vegetal que rompe la aridez del desierto de Atacama es el desierto florido. Diferentes especies de anuales y geófitas comparten el dominio durante los eventos de floración, mostrando una apariencia secuencial con diferencias de 4 a 10 semanas en su duración y pico del período de floración (Chávez *et al.* 2019). La composición florística de este desierto es rica y diversa en especies endémicas, algunas de ellas en peligro de extinción (Chávez *et al.* 2019). La flora presente en el desierto de Atacama se ha adaptado a largos períodos de sequía; donde, las estructuras de las plantas como los bulbos y las semillas pueden esperar años un evento de lluvia, para así germinar, crecer y florecer. Después de la lluvia, la productividad de las plantas suele ser extremadamente alta, pero de corta duración (Astorga 2020). Hay alrededor de 100

familias de angiospermas asociadas con la Región de Atacama y algunas de ellas crecen solo cuando el desierto está floreciendo (Contreras *et al.* 2020). Cuatro géneros de las familias más ricas en especies fueron seleccionados para realizar una búsqueda de las secuencias o marcadores de ADN disponibles en el GenBank NCBI: *Cistanthe*, *Cristaria*, *Heliotropium* y *Nolana*. Estos géneros dominan en las praderas multicolores del Desierto Florido (Watson *et al.* 2016; Böhnert *et al.* 2022).

Cistanthe Spach.

Familia: Montiaceae

Este género fue creado para incluir varias especies que previamente habían sido clasificadas como *Calandrinia*. El género, que fue descrito por el botánico francés Edouard Spach (1801-1879), pertenece a la familia Montiaceae y es nativo del continente americano. Sus especies se encuentran en la cordillera, zonas costeras y desiertos de América del Norte y del Sur; muchas de ellas están adaptadas a ambientes de aridez extrema. Pueden ser plantas anuales o perennes (Watson *et al.* 2016).

Las especies en el desierto de Atacama son: *C. amarantoides*, *C. arenaria*, *C. cabreræ*, *C. cachinalensis*, *C. calycina*, *C. celosioides*, *C. cephalophora*, *C. coquimbensis*, *C. cymosa*, *C. densiflora*, *C. frígida*, *C. grandiflora (discolor)*, *C. humilis*, *C. longiscapa*, *C. minúscula*, *C. picta*, *C. salsoloides*, *C. stricta* y *C. thyrsoides*.

Según el Libro Rojo de la Flora Nativa y de los Sitios Prioritarios para su Conservación: Región de Atacama (Arroyo *et al.* 2008) y el catálogo de las plantas vasculares de Chile (Universidad de Concepción) (Rodríguez *et al.* 2018).

Cristaria Sonn.

Familia: Malvaceae

Este género está constituido por plantas desde postradas a erguidas, anuales o perennes, de 5 a 150 cm, y con gran parte de ellas cubiertas de pelos cortos y densos. Detalles del fruto y de las semillas las distinguen de otras malváceas. Sus

hojas son alternas y fluctúan entre total y profundamente divididas y cortadas en varios segmentos.

El género *Cristaria* está presente desde Perú hasta Chile central. Sus especies se encuentran principalmente en las zonas costeras, pero varias de ellas llegan a grandes alturas en los Andes. Hoy se contabilizan 20 especies de *Cristaria*, de las cuales 19 son nativas en Chile (Faúndez *et al.* 2017, Watson *et al.* 2016). De éstas, 15 son endémicas (Watson *et al.* 2016).

Las especies en el desierto de Atacama son: *C. adenophora*, *C. andicola*, *C. argyliifolia*, *C. aspera*, *C. calderana*, *C. cordatorotundifolia*, *C. cyanea* y *C. dissecta*.

Según el Libro Rojo de la Flora Nativa y de los Sitios Prioritarios para su Conservación: Región de Atacama (Arroyo *et al.* 2008) y el catálogo de las plantas vasculares de Chile (Universidad de Concepción) (Rodríguez *et al.* 2018).

Heliotropium L.

Familia: Boraginaceae

Los heliotropos (*Heliotropium*) son un género de plantas herbáceas de la familia Boraginaceae con alrededor de 300 especies. Son hierbas anuales o perennes o a veces arbustos pequeños. Ampliamente distribuida en las zonas subtropicales de Sudamérica oriental. En Chile, el género *Heliotropium* está representado por 24 especies nativas. En cuanto a las especies introducidas, sólo dos se han reportado en Chile: *H. angiospermum* Murray y *H. procumbens* Mill. *Heliotropium angiospermum* se ha naturalizado en la Región de Arica y Parinacota (Ibáñez *et al.* 2011).

Las especies en el desierto de Atacama son: *H. chenopodiaceum*, *H. curassavicum*, *H. filifolium*, *H. floridum*, *H. glutinosum*, *H. huascoense*, *H. inconspicuum*, *H. linariifolium* (*longiflorum*), *H. longistylum*, *H. megalanthum*, *H. myosotifolium*, *H. philippianum*, *H. pycnophyllum*, *H. sclerocarpum*, *H. sinuatum* y *H. stenophyllum*.

Según el Libro Rojo de la Flora Nativa y de los Sitios Prioritarios para su Conservación: Región de Atacama (Arroyo *et al.* 2008) y el catálogo de las plantas vasculares de Chile (Universidad de Concepción) (Rodríguez *et al.* 2018).

Nolana L.f.

Familia: Solanaceae

El género es endémico de Chile y Perú. Durante mucho tiempo se sostuvo que pertenecían a una familia propia, Nolanaceae, sin embargo, estudios moleculares recientes han demostrado que las *Nolana* en realidad están mejor clasificadas como solanáceas. Muchas especies son extremadamente raras y de distribución muy restringida. La mayoría se limita a la franja costera, donde están asociadas con eventos de El Niño y la camanchaca. La mayor parte de las especies son endémicas (Watson *et al.* 2016). El número exacto de especies de este género no está definido, ya que pertenece a una familia compleja (Faúndez *et al.* 2017).

Las especies en el desierto de Atacama son: *N. acuminata*, *N. albescens*, *N. aplocaryoides*, *N. baccata*, *N. carnosae*, *N. clivicola*, *N. coelestis*, *N. crassulifolia*, *N. deflexa*, *N. divaricata*, *N. elegans*, *N. filifolia* (*glandulosa*), *N. glauca*, *N. incana*, *N. leptophylla*, *N. linearifolia*, *N. mollis*, *N. parviflora*, *N. peruviana*, *N. pterocarpa*, *N. rostrata*, *N. rupícola*, *N. salsoloides*, *N. sedifolia*, *N. sessiliflora*, *N. sphaerophylla* (*fláccida*), *N. villosa* y *N. werdermannii*.

Según el Libro Rojo de la Flora Nativa y de los Sitios Prioritarios para su Conservación: Región de Atacama (Arroyo *et al.* 2008) y el catálogo de las plantas vasculares de Chile (Universidad de Concepción) (Rodríguez *et al.* 2018).

Las secuencias de ADN podrían ser útiles al momento de muestrear las partes, como por ejemplo las semillas, o restos de las plantas sin necesidad de esperar años en la aparición de un evento climático como lo es “El Niño”. El seleccionar uno o varios marcadores, mediante una comparación de la variabilidad de las secuencias (CFI), que cumpla la función de código de barras podría permitir una eficiente identificación a nivel de especie.

5. Caracteres Filogenéticamente informativos

Los caracteres filogenéticamente informativos se refieren al número de sustituciones de nucleótidos, indels e inversiones que existen entre las secuencias de los pares de especies siguiendo a Shaw *et al.* (2005, 2007).

III. Objetivos

Objetivo general

Analizar los marcadores disponibles en las bases de datos, para su potencial uso como código de barras en la identificación de las especies de cuatro de los géneros seleccionados presentes en el desierto de Atacama.

Objetivos específicos

1. Analizar la información proveniente de bases de datos de las secuencias actualmente disponibles para los cuatro géneros seleccionados en estudio.
2. Establecer las secuencias (interespecifica) para este estudio, aplicando un filtro de especies y el alineamiento de secuencias.
3. Interpretar los parámetros entregados por cada marcador molecular. Estableciendo los criterios para seleccionar los marcadores más aptos a candidato de código de barras para cada género en el desierto florido.

IV. Metodología

1. Búsqueda y selección de taxones.

Se realizó una búsqueda National Center for Biotechnology Information (NCBI, página web: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) utilizando la base de datos “Nucleotide” de las secuencias disponibles para las especies de cuatro géneros presentes en el desierto florido: *Cistanthe* (Montiaceae), *Cristaria* (Malvaceae), *Nolana* (Solanaceae) y *Heliotropium* (Boraginaceae). Se seleccionaron y descargaron las secuencias encontradas por cada género y marcador, en formato fasta y ordenadas por número de accesoión. Los marcadores utilizados fueron aquellos en que se encontraron al menos 2 secuencias de cada marcador: ITS, *matK*, *ndhF*, *rbcL*, *rps16*, *trnH-psbA*, *trnS-trnG*, *atpB*, *LEAFY*, *rps16-trnK*, *rpl16*, *phyC*, *ycf3*.

Posteriormente se seleccionaron las especies presentes en el desierto de Atacama, utilizando como base la información del Libro Rojo de la Flora Nativa y de los Sitios Prioritarios para su Conservación: Región de Atacama (2008). La nomenclatura de las especies se actualizó en base a la información del Catálogo UdeC (disponible <http://catalogoplantas.udec.cl/>) (Rodríguez *et al.* 2018).

2. Alineación de secuencias.

Las matrices generadas fueron editadas manualmente, en el anexo se indican los números de accesiones de los individuos utilizados en los análisis. El alineamiento se realizó utilizando la versión en línea del programa MAFFT v.7 (Kato *et al.* 2019), para las matrices alineadas se realizaron ajustes manuales en caso de ser necesario en el programa BioEdit v.7 (Hall *et al.* 2011).

3. Obtención de Caracteres Filogenéticamente Informativos (C.F.I)

El número de caracteres filogenéticamente informativos se obtuvo según la metodología propuesta Shaw *et. al* (2014), la cual consiste en contar el número de nucleótidos sustituidos (NS), inserciones/deleciones (ID) e inversiones (IV) presentes en el alineamiento. Esto debe ser dividido por el largo total del alineamiento (L), y multiplicarlo por 100 para obtener el % de Variabilidad o PIC.

$$\% \text{ Variabilidad} = \frac{NS + ID + IV}{L} \cdot 100$$

Se ha demostrado que estos pueden ser un buen indicador de los caracteres parsimoniosamente informativos (Shaw *et al.* 2014).

Para obtener el valor en porcentaje, fue necesario dividir la cantidad de CFI entregados por MEGA, por el largo del alineamiento (L) y multiplicarlo por 100.

$$CFI\% = \frac{CFI}{L} \cdot 100$$

4. Análisis de agrupamiento

Se realizó un análisis de agrupamiento mediante el método de grupos de pares no ponderados (UPGMA) utilizando el programa MEGA X (Kumar *et al.* 2018), para las matrices que presentaran CFI% mayores a 1% (>1%) con la finalidad de visualizar los agrupamientos de las especies en los marcadores más informativos.

V. Resultados

1. Búsqueda y selección de taxones.

En base a las secuencias seleccionadas en NCBI, se generaron matrices independientes por marcador y género, obteniendo un total de 24 matrices: 5 para *Cistanthe*, 4 para *Cristaria*, 8 para *Heliotropium* y 7 para *Nolana*.

En el caso de *Cistanthe* 2 matrices fueron generadas con marcadores nucleares: 5.8S-ITS 2 y *phyC*, y 3 matrices con marcadores plastidiales; *matK-trnK* y *rbcL*. En *Cristaria* se obtuvo 1 matriz de un marcador nuclear; ITS1-5.8S-ITS2 y 3 matrices con marcadores plastidiales; *matK-trnK*, *ndhF* y *rpl16*. Para *Heliotropium* se generó 1 secuencia nuclear; ITS, y 7 matrices con marcadores plastidiales; *matK*, *ndhF*, *rbcL*, *rps16*, *trnH-psbA*, *trnL-trnF* y *trnS-trnG*. Por último, en el caso de *Nolana*, se generó 1 matriz de un marcador nuclear; *LEAFY*, y 6 matrices plastidiales *atpB*, *matK*, *ndhF*, *rbcL*, *rps16-trnK* y *trnH-psbA*.

Luego de editar las matrices, eliminando las especies que no se encontraban en el Libro Rojo de Atacama, disminuyó el número de secuencias que conformaba cada matriz (Tabla 1).

Tabla 1. Resumen de los marcadores y el número de secuencias en cada matriz antes y después de filtrar según el Libro rojo de Atacama.

Género	Marcador	n° inicial	N° final
<i>Cistanthe</i>	ITS	81	53
	<i>matK-trnK</i>	27	16
	<i>phyC</i>	11	6
	<i>rbcL</i>	2	0
	<i>ycf3</i>	65	45
<i>Cristaria</i>	ITS	26	18
	<i>matK-trnK</i>	29	26
	<i>ndhF</i>	45	26
	<i>rpl16</i>	29	26
<i>Heliotropium</i>	ITS	189	37
	<i>matK</i>	54	9
	<i>ndhF</i>	55	35
	<i>rbcL</i>	62	11
	<i>rps16</i>	72	34
	<i>trnH-psbA</i>	76	18
	<i>trnL trnF</i>	86	35
	<i>trnS trnG</i>	66	15
	<i>atpB</i>	23	7
	<i>LEAFY</i>	161	39
	<i>matK</i>	4	2
<i>Nolana</i>	<i>ndhF</i>	99	31
	<i>rbcL</i>	10	6
	<i>rps16 -trnK</i>	95	32
	<i>trnH - psbA</i>	95	31

En la tabla 1 el “N° inicial” corresponde al número de secuencias descargadas desde GenBank NCBI. “N° final” al número de secuencias utilizadas en este estudio.

Debido a que no se encontraron especies del género *Cistanthe* para el marcador *rbcL*, fue excluido de los análisis. Obteniendo en consecuencia 4 matrices para *Cistanthe* (1 nuclear y 3 cloroplastidiales).

2. Alineamiento de secuencias.

Todas las matrices fueron editadas manualmente en BioEdit v.7 luego de pasar por una primera etapa de alineación en MAFFT v.7, para así optimizar lo obtenido en el programa en línea.

Para *LEAFY* en el caso de *Nolana*, se eliminaron 2 secuencias correspondientes a *Nolana rupícola*, debido a que diferían notoriamente del resto de las secuencias de la matriz, lo cual imposibilitaba su alineamiento, por lo que es probable que estuviesen incorrectamente identificadas.

3. Caracteres filogenéticamente informativos.

Los resultados obtenidos para cada matriz se presentan en la Tabla 2.

En una primera instancia se puede destacar que en *Cistanthe*, *Cristaria* y *Heliotropium* se obtuvieron caracteres filogenéticamente informativos en todas las matrices. Sin embargo, para *Nolana* en *matK* no se obtuvo ningún carácter filogenéticamente informativo, y en el caso de *atpB* solo se obtuvo 1.

Tabla 2. Resultados de cada matriz luego de ser analizada en programa MEGA X.

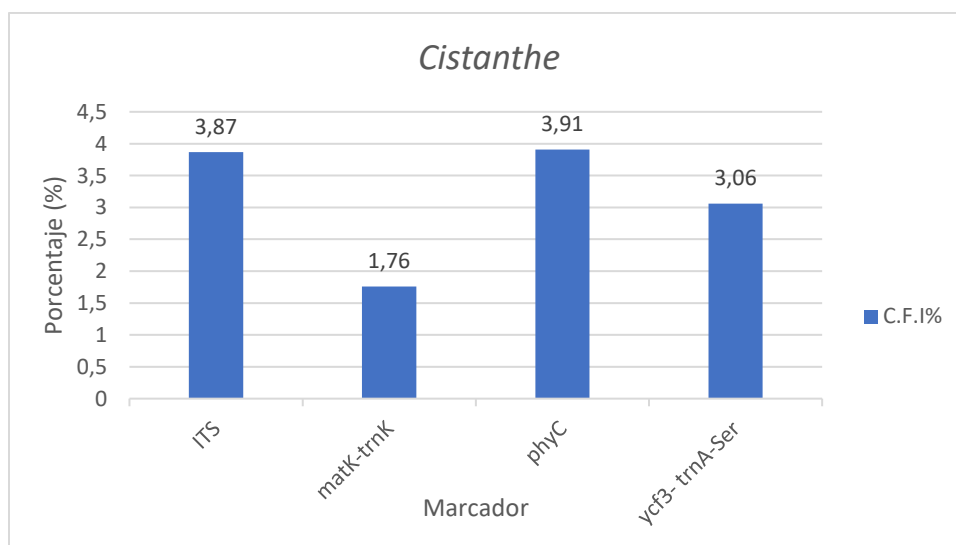
Género	Secuencia	Caracteres variables	Caracteres filogenéticamente informativos	Largo del alineamiento
<i>Cistanthe</i>	ITS	37	25	645
	<i>matK - trnK</i>	57	41	2332
	<i>phyC</i>	85	44	1125
	<i>ycf3-trnA-Ser</i>	34	26	850
<i>Cristaria</i>	5.8S-ITS2	54	30	694
	<i>matK- trnK</i>	21	10	2884
	<i>ndhF</i>	11	7	2028
	<i>rpl16</i>	11	5	1170
<i>Heliotropium</i>	ITS	146	64	764
	<i>matK</i>	67	25	880
	<i>ndhF</i>	71	23	2057
	<i>rbcL</i>	47	33	1468
	<i>rps16</i>	75	18	987
	<i>trnH-psbA</i>	30	23	399
	<i>trnL - trnF</i>	29	10	1115
	<i>trnS - trnG</i>	55	26	763
<i>Nolana</i>	<i>atpB</i>	1	1	1261
	<i>LEAFY</i>	500	219	2999
	<i>matK</i>	1	0	1191
	<i>ndhF</i>	33	21	2049
	<i>rbcL</i>	9	6	1400
	<i>rps16 - trnK</i>	20	11	806
	<i>trnH-psbA</i>	21	12	527

Para el género *Cistanthe* *phyC* presentó el mayor porcentaje de caracteres filogenéticamente informativos (3,91%), seguido de 5.8S-ITS2 (3,87%). En *Cristaria* el marcador con mayor porcentaje de caracteres filogenéticamente informativos fue el marcador ITS entre los 4 marcadores evaluados, seguido de *rpl16* con un CFI% notoriamente más bajo (0,43%). En el género *Heliotropium*, ITS1-5.8S-ITS2 fue la región más informativa con 64 (8,37%) sitios informativos de parsimonia, mientras que el marcador cloroplastidial más informativo fue *trnH-psbA* (5,76%). Por último, en el género *Nolana* fue el marcador *LEAFY*, el que presentó mayor porcentaje de caracteres filogenéticamente informativos (7,3%) seguido del marcador *trnH-psbA* (2,28%).

Tabla 3. Caracteres filogenéticamente informativos expresado en porcentaje.

Género	Secuencia	C.F.I%
<i>Cistanthe</i>	ITS	3,87
	<i>matK-trnK</i>	1,76
	<i>phyC</i>	3,91
	<i>ycf3</i>	3,06
<i>Cristaria</i>	ITS	4,32
	<i>matK-trnK</i>	0,35
	<i>ndhF</i>	0,34
	<i>rpl16</i>	0,43
<i>Heliotropium</i>	ITS	8,37
	<i>matK</i>	2,84
	<i>ndhF</i>	1,12
	<i>rbcL</i>	2,24
	<i>rps16</i>	1,82
	<i>trnH-psbA</i>	5,76
	<i>trnL-trnF</i>	0,90
	<i>trnS-trnG</i>	3,41
<i>Nolana</i>	<i>atpB</i>	0,08
	<i>LEAFY</i>	7,30
	<i>matK</i>	0
	<i>ndhF</i>	1,02
	<i>rbcL</i>	0,43
	<i>rps16-trnK</i>	1,36
	<i>trnH-psbA</i>	2,28

A continuación, se presentan los resultados en gráficos generados por género a partir de la información de la Tabla 3.

**Figura 1.** Gráfico que representa los CFI% obtenidos en los 4 marcadores evaluados en el género *Cistanthe*, siendo ITS el único marcador nuclear.

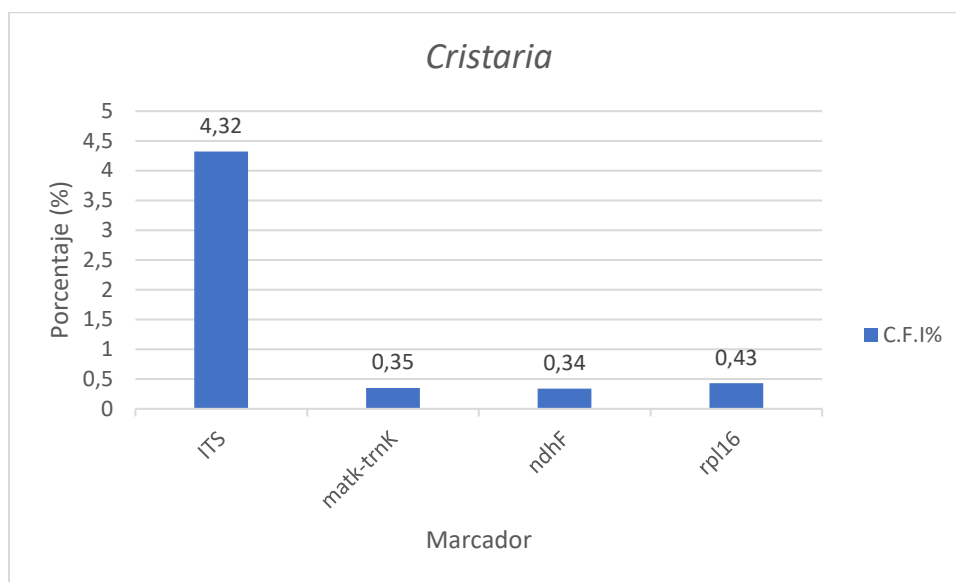


Figura 2. Gráfico que representa el CFI% obtenido en los 4 marcadores evaluados en el género *Cristaria* siendo ITS el único marcador nuclear.

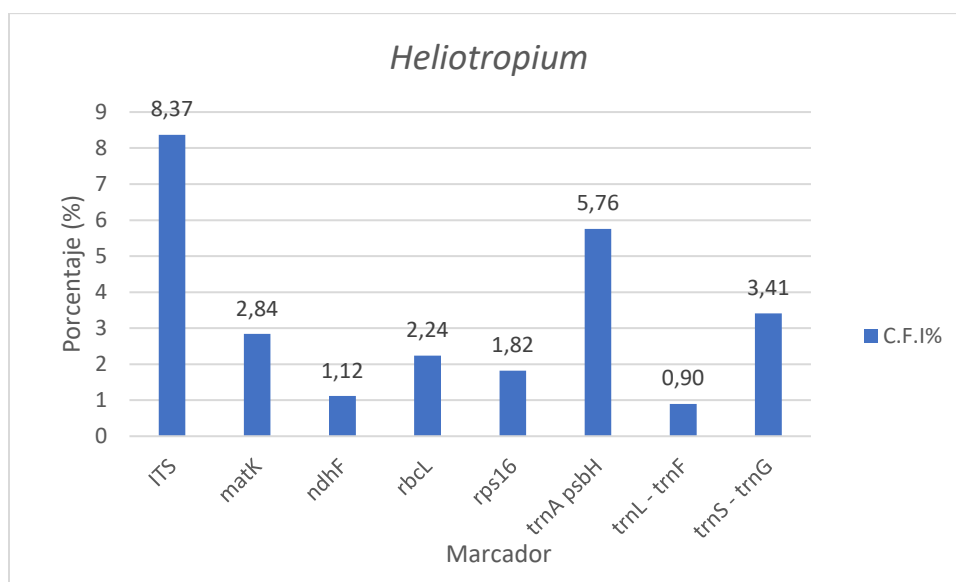


Figura 3. Gráfico que representa el CFI% obtenido en los 8 marcadores evaluados en el género *Heliotropium* siendo ITS el único marcador nuclear.

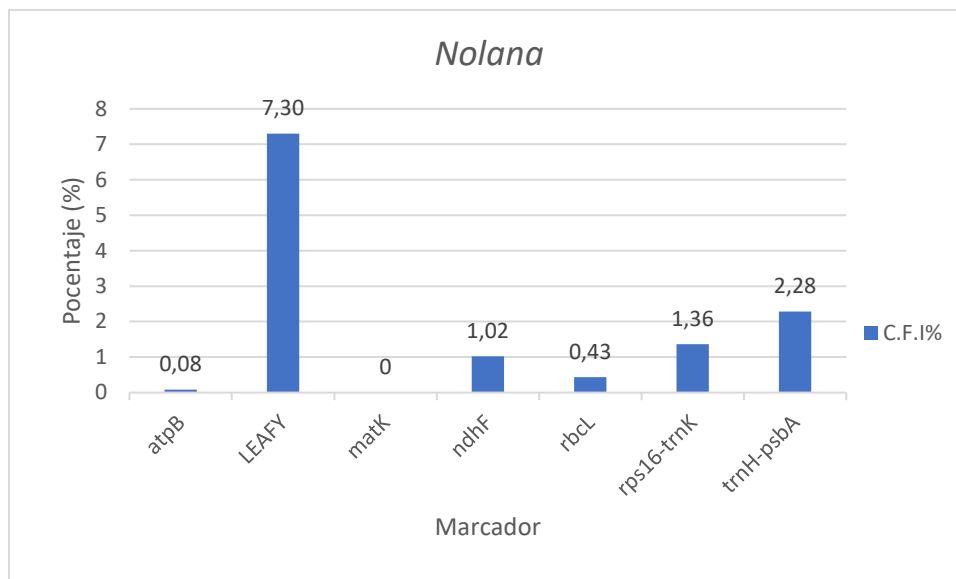


Figura 4. Gráfico que representa el CFI% obtenido en los 7 marcadores evaluados en el género *Nolana* siendo *LEAFY* el único marcador nuclear.

4. Análisis de agrupamiento

El análisis de agrupamiento UPGMA se realizó sólo en aquellos marcadores obtuvieron CFI% >1%. En el género *Cistanthe* se realizó en todas las matrices. En el género *Cristaria* solo para la matriz de ITS. En *Heliotropium* se analizaron las matrices de ITS, *matK*, *ndhF*, *rbcL*, *rps16*, *trnH-psbA* y *trnS-trnG*. Mientras que para el género *Nolana*, fueron sometidas a este análisis las matrices de los marcadores *LEAFY*, *ndhF*, *rps16-trnK* y *trnH-psbA*.

En *Cistanthe*, ITS, generó 3 grandes grupos, donde en general las especies está correctamente agrupada en cada clado. Por su parte *matK*, fue capaz de agrupar a *Cistanthe grandiflora* y *C. longiscapa*, sin embargo, presentó clados de especies que no correspondían. Se obtuvo resultados similares para los UPGMA de los marcadores *phyC* y *ycf3-trnA-Ser*.

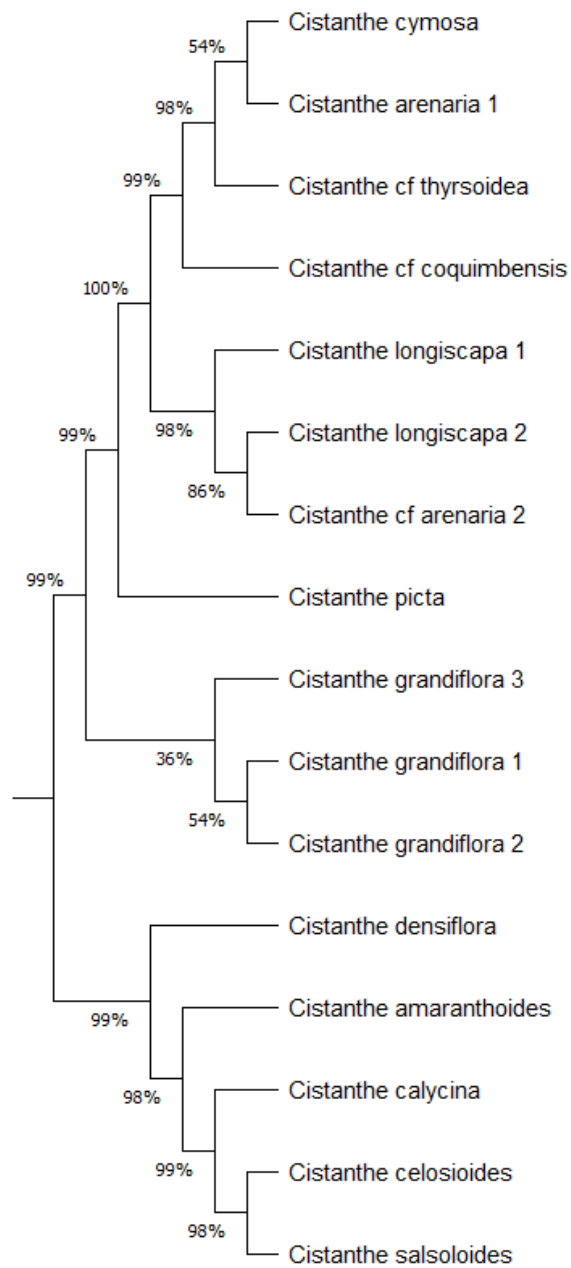


Figura 6. Dendrograma del género *Cistanthe* generado a partir de la matriz del marcador *matK-trnK*.

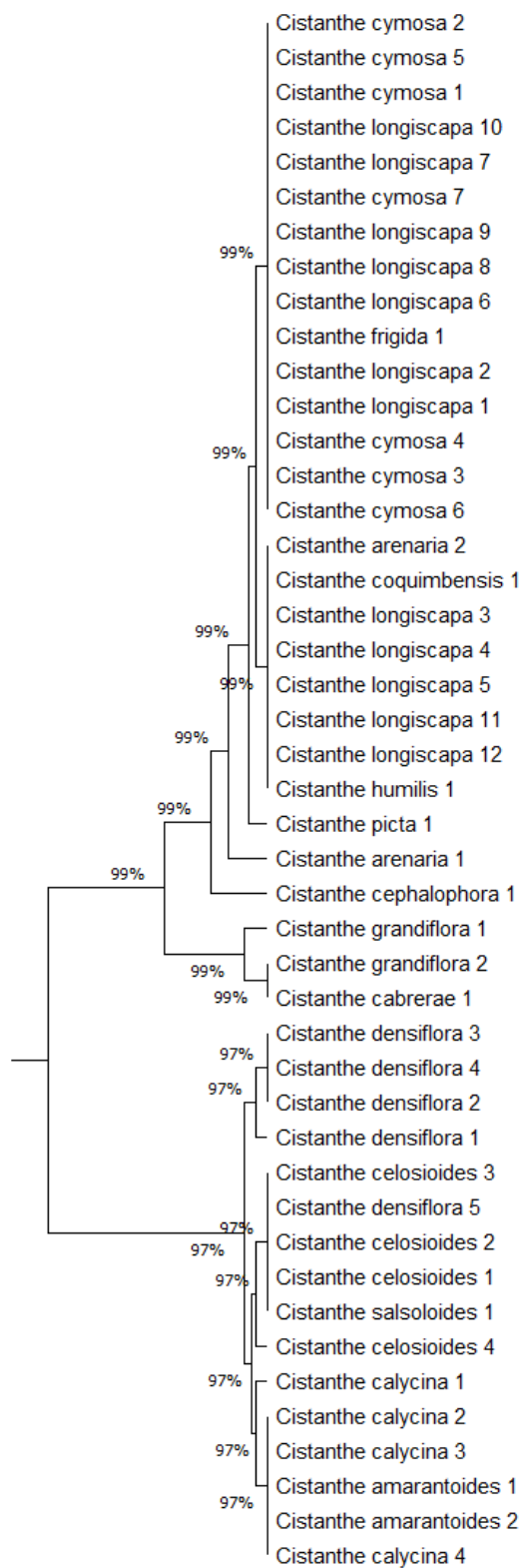


Figura 7. Dendrograma del género *Cistanthe* generado a partir de la matriz del marcador *ycf3-trnA-Ser*.

En el caso del UPGMA generado para *Cristaria*, el marcador ITS fue capaz de agrupar correctamente las mismas especies en todos los casos.

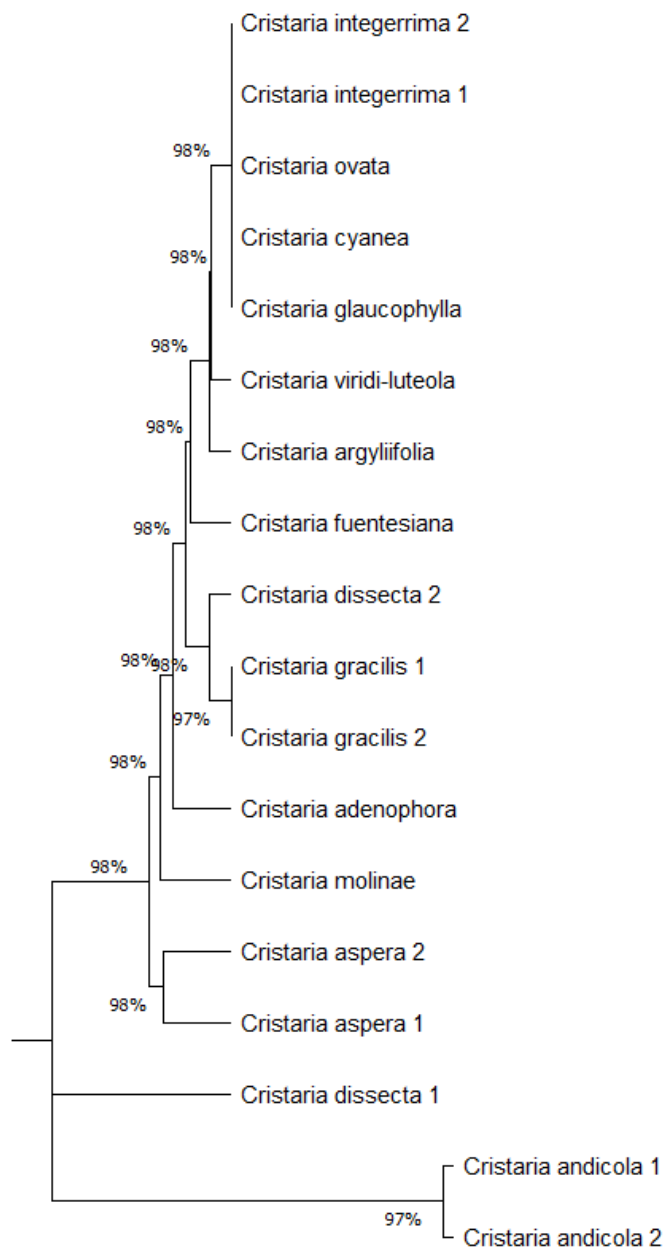


Figura 8. Dendrograma del género *Cristaria* generado a partir de la matriz del marcador ITS.

En los análisis de UPGMA generados para las matrices de *Heliotropium*, en el caso de ITS, se generaron 2 grupos donde en general se agruparon de manera correcta los mismos taxones como en *H. floridum*, *H. curassavicum*, y *H. longistylum*, sin embargo, presentó algunas especies incorrectamente agrupadas. Para *matK*, las 4 secuencias perteneciente a distintos individuos de *H. longiflorum* fueron agrupados correctamente, resultados similares se observaron con *rbcL*. *ndhF* agrupó correctamente varias especies, entre ellas *H. pycnophyllum*, *H. filifolium*, *H. myosotifolium* y *H. megalanthum*, con un alto porcentaje de similitud entre ellas (sobre 94%). Por su parte *rps16*, agrupó a las especies *H. floridum*, *H. huascoense*, *H. filifolium* y *H. pycnophyllum* correctamente. *trnH-psbA* agrupó correctamente en clados las únicas 2 especies que estaban representadas por más de una secuencia de distintos individuos (*H. longiflorum* y *H. curassavicum*). Por último, *trnS-trnG* agrupó correctamente la única especie que se encontraba con 2 ejemplares (*H. curassavicum*).

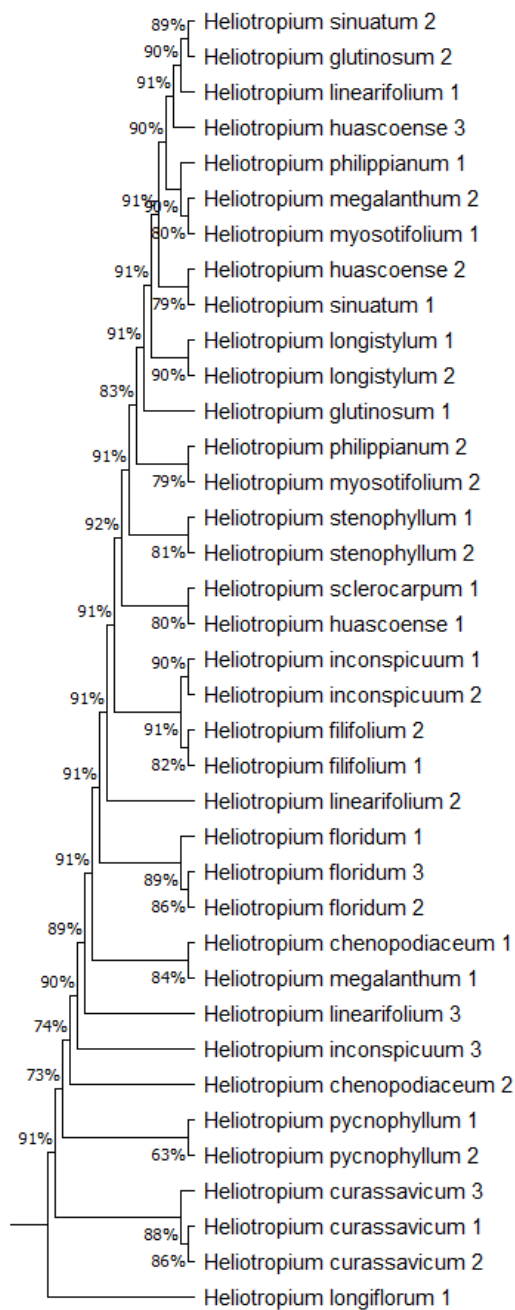


Figura 9. Dendrograma del género *Heliotropium* generado a partir de la matriz del marcador ITS.

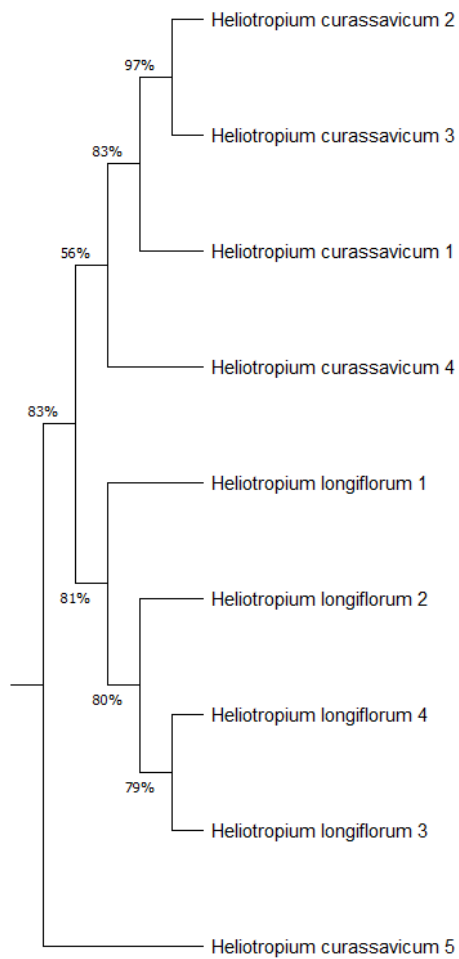


Figura 10. Dendrograma del género *Heliotropium* generado a partir de la matriz del marcador *matK*.

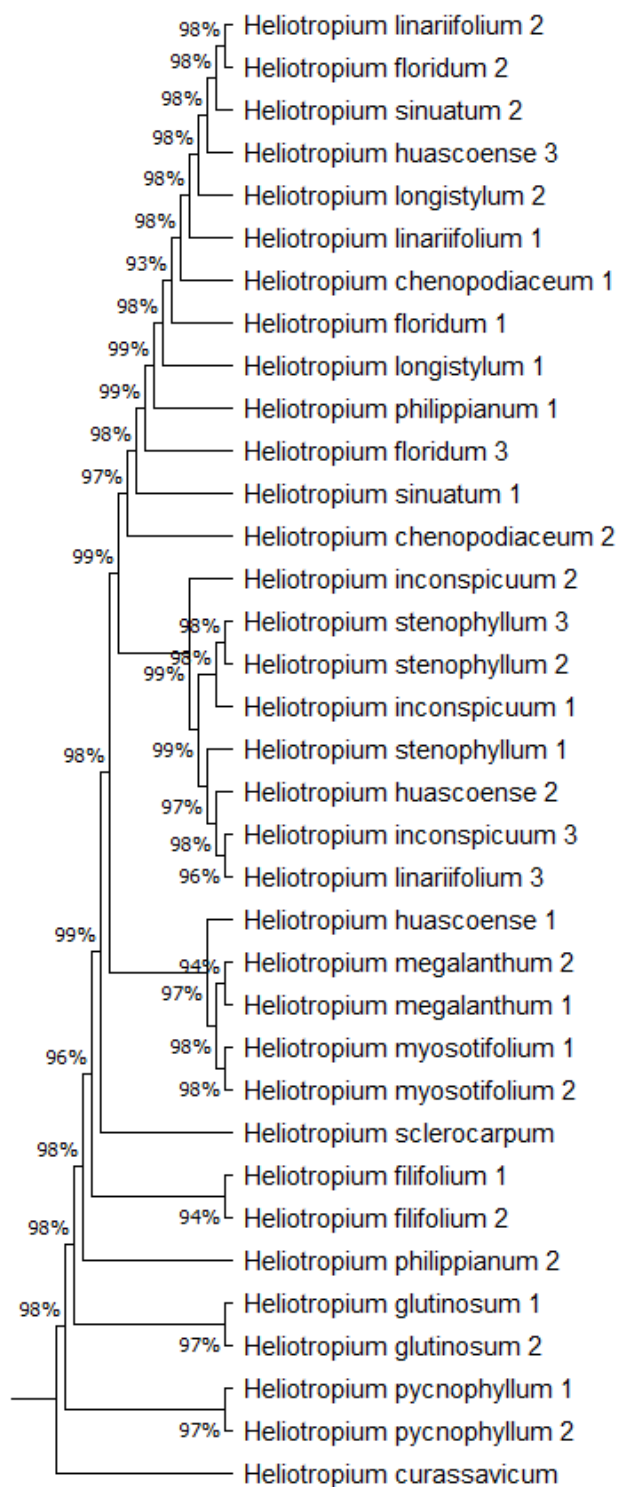


Figura 11. Dendrograma del género *Heliotropium* generado a partir de la matriz del marcador *ndhF*.

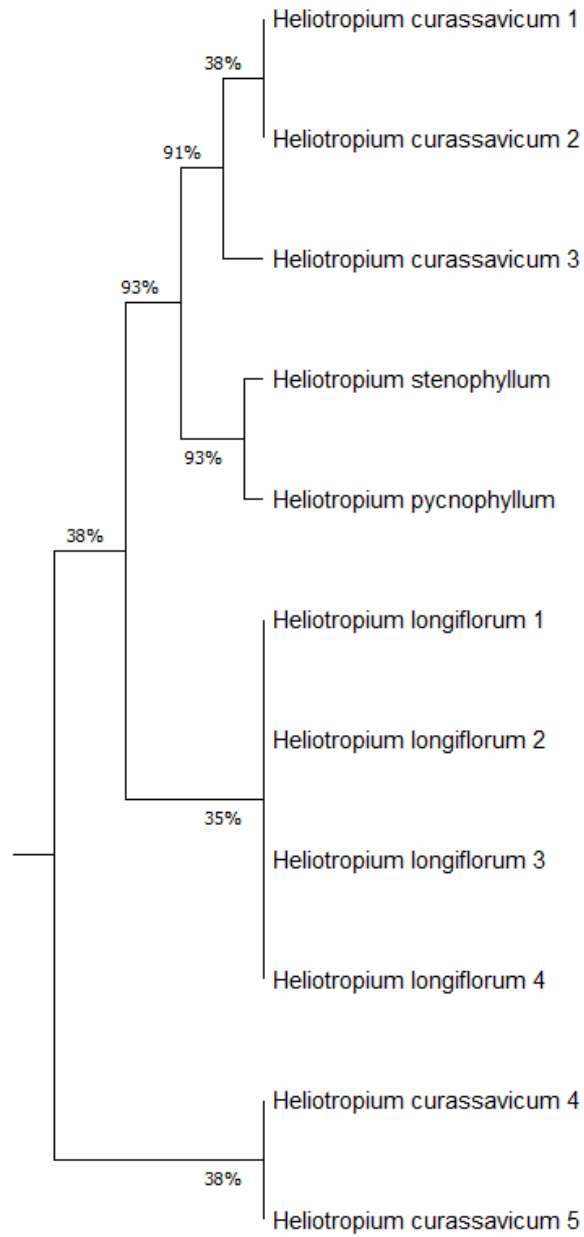


Figura 12. Dendrograma del género *Heliotropium* generado a partir de la matriz del marcador *rbcl*.

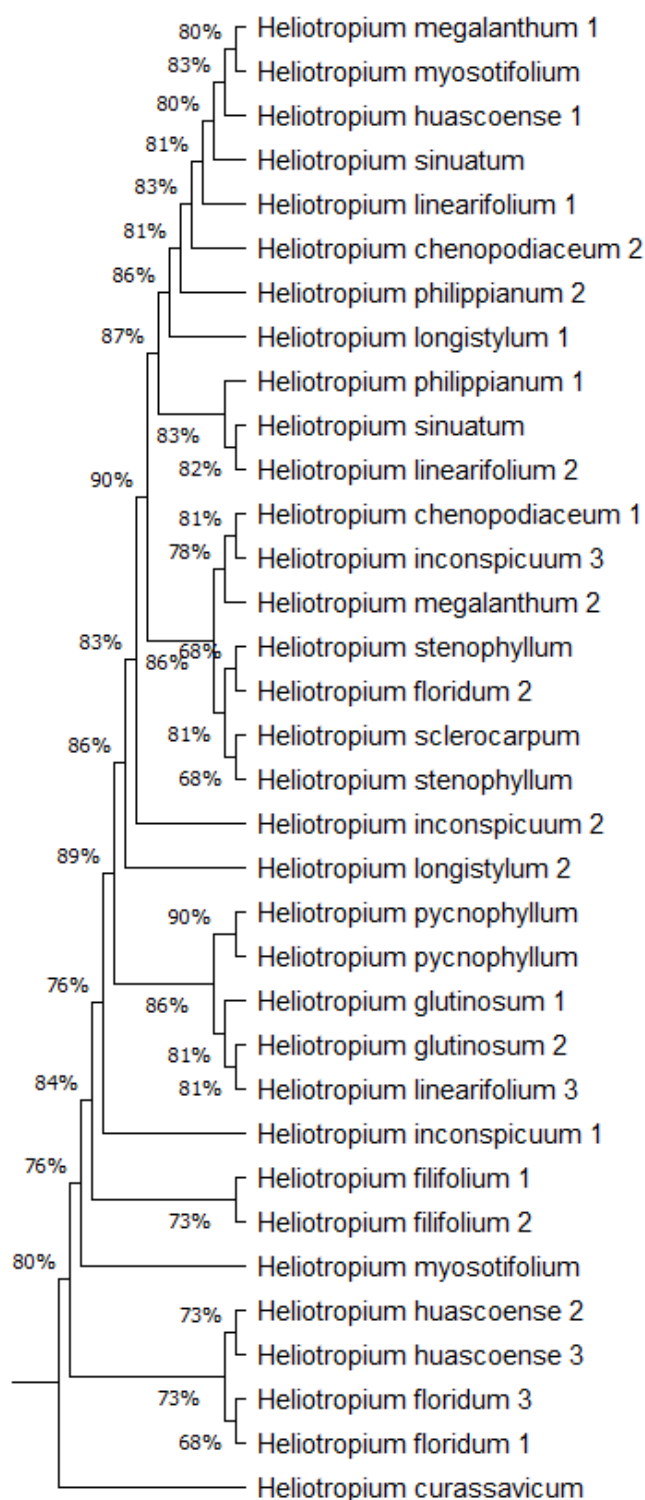


Figura 13. Dendrograma del género *Heliotropium* generado a partir de la matriz del marcador *rps16*.

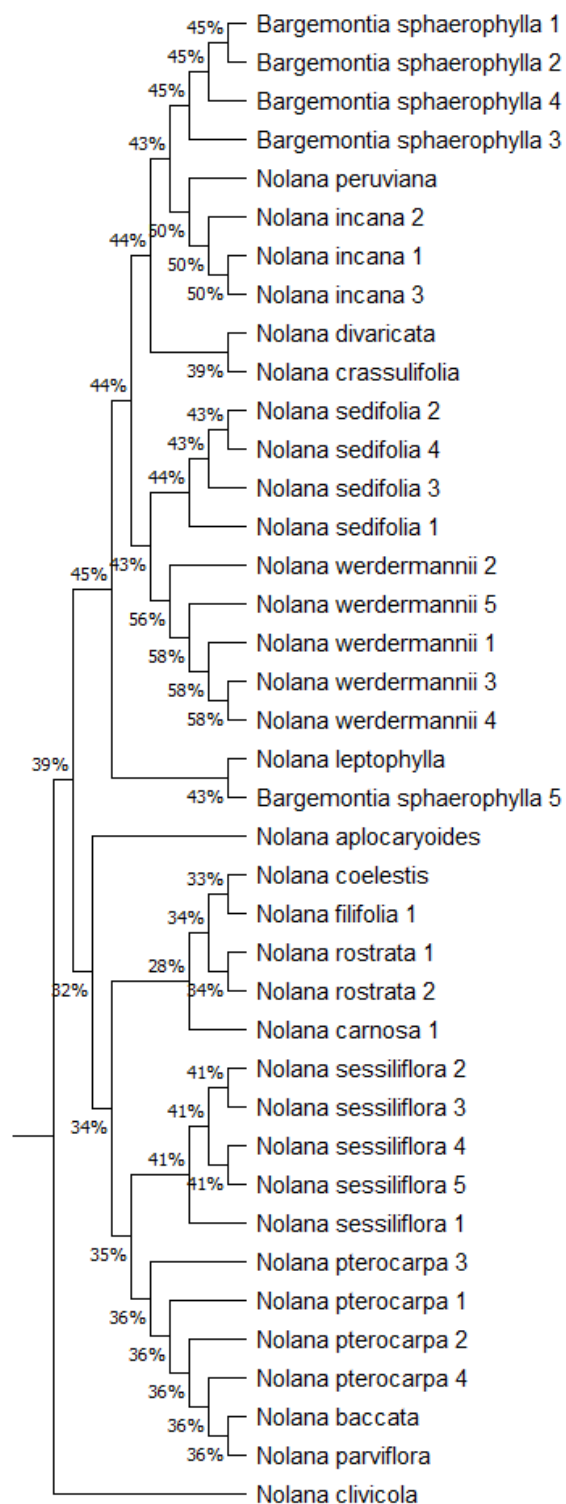


Figura 16. Dendrograma del género *Nolana* generado a partir de la matriz del marcador *LEAFY*.

Bargemontia sphaerophylla es sinónimo de *Nolana sphaerophylla*.

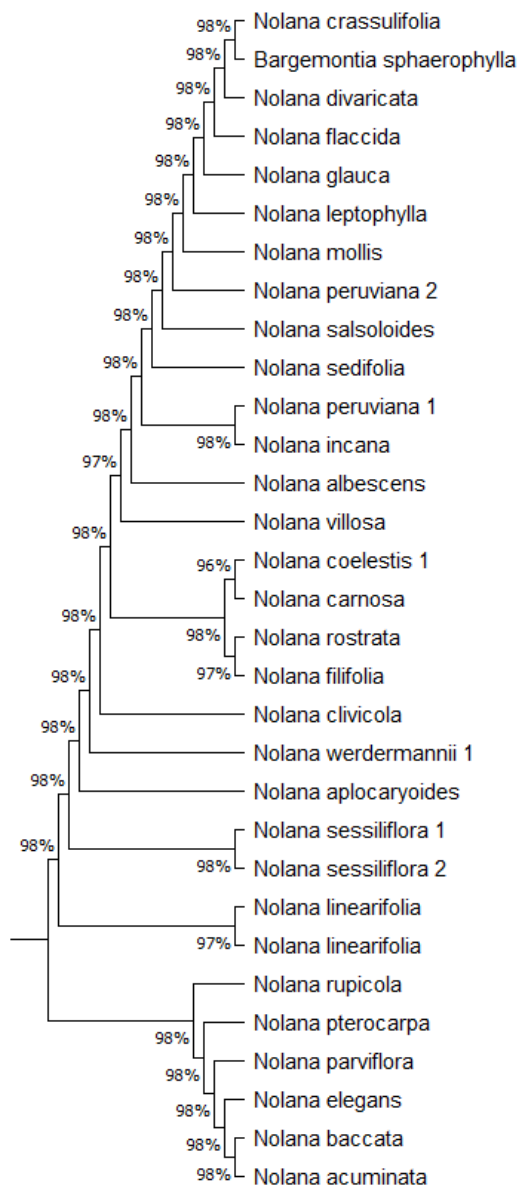


Figura 17. Dendrograma del género *Nolana* generado a partir de la matriz del marcador *ndhF*. *Bargemontia sphaerophylla* es sinónimo de *Nolana sphaerophylla*.

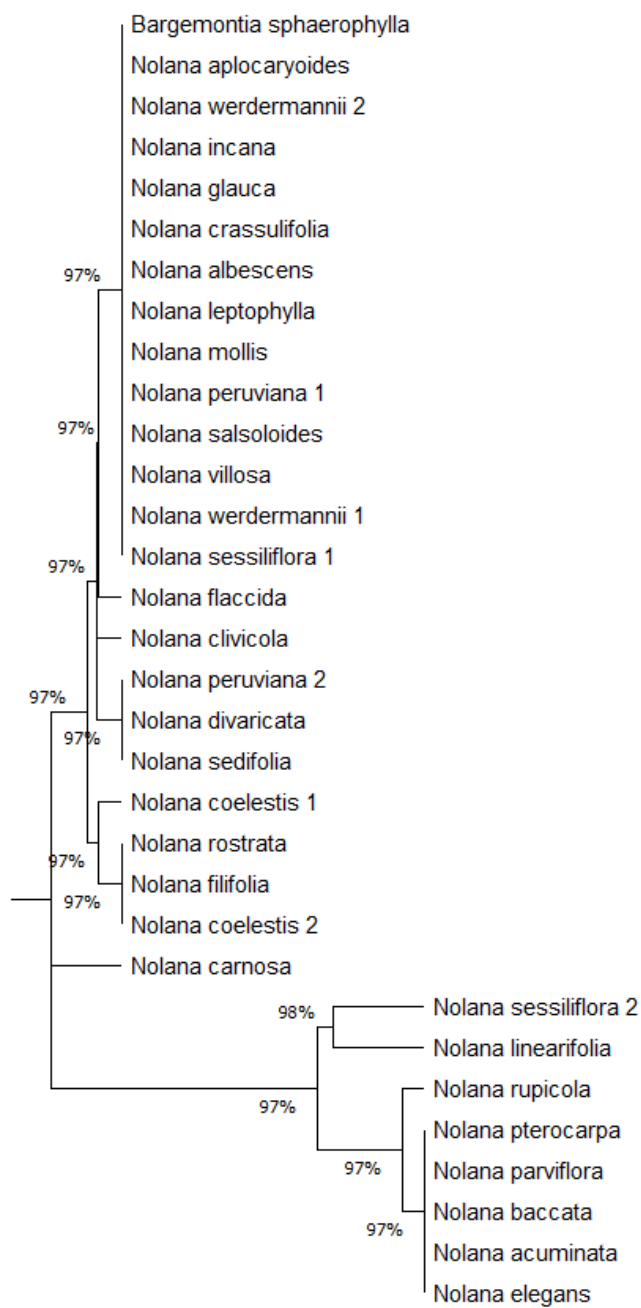


Figura 18. Dendrograma del género *Nolana* generado a partir de la matriz del marcador *rps16-trnK*. *Bargemontia sphaerophylla* es sinónimo de *Nolana sphaerophylla* y *Nolana flaccida*.

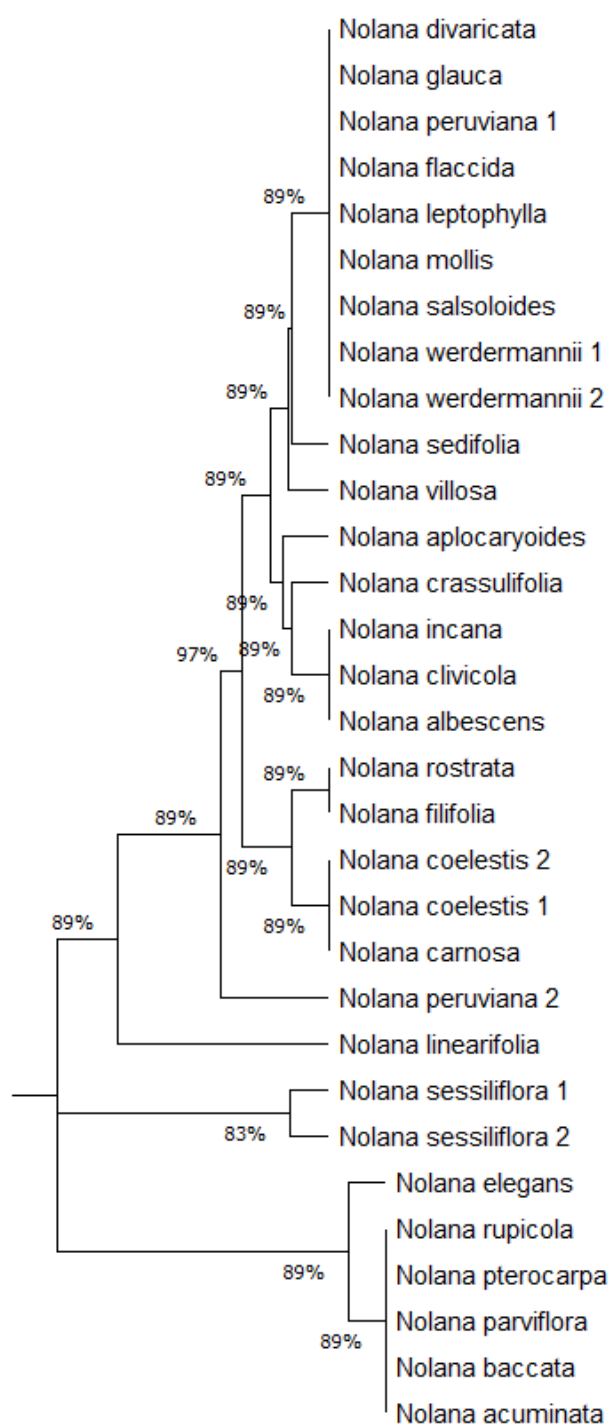


Figura 19. Dendrograma del género *Nolana* generado a partir de la matriz del marcador *trnA-psbH*.

Discusión

En este trabajo se evaluaron 23 matrices, pertenecientes a cuatro de los géneros con mayor diversidad presentes en el Desierto de Atacama, las cuales incluyen al menos una matriz de un marcador nuclear por género. Sumado a esto, se realizó un análisis UPGMA a los marcadores con mejores CFI% (CFI% >1), el cual separó las especies estudiadas en grupos distintos como se esperaba (Michałowska y Lema 2018; Tikendra *et al.* 2019).

En *Cistanthe* el mayor CFI% estuvo dado en el marcador ITS (3,87%). Seguido de los marcadores *phyC* (3,91%), *ycf3-trnA* (3,06%) y *matK-trnK* (1,76%). Porcentajes que, contrastado con la baja cantidad de secuencias utilizadas pueden considerarse relativamente altos. Romeiro *et al.* (2016) expusieron que las regiones nucleares presentaban una alta variabilidad en comparación con regiones del ADN plastidial en *Cereus* (Cactaceae) e indicaron que dichos resultados estaban de acuerdo con la premisa de que los marcadores nucleares frecuentemente muestran más variación en las plantas que los marcadores plastidiales. HersHKovitz (HersHKovitz 2018a; HersHKovitz 2018b; HersHKovitz 2019) afirma que históricamente, la taxonomía de las especies chilenas pertenecientes a *Cistanthe* ha sido excepcionalmente confusa y que no existe una taxonomía integral para este género. Este mismo autor, describió en el 2018b que en su trabajo realizado en 2006 identificó especímenes erróneamente de *C. philhershkovitziana* como *C. grandiflora* y, concomitantemente, especímenes de *C. grandiflora* erróneamente como *C. discolor*. Sin embargo, según el catálogo UdeC, *C. grandiflora* y *C. discolor* son sinónimos (<http://catalogoplantas.udec.cl/?q=node/4577>). Aquellas secuencias generadas por HersHKovitz (2006), fueron utilizadas en este trabajo, específicamente en las matrices de ITS e *ycf3-trnA* Ser. Es por esto que, si bien los marcadores mostraron eficiencia al agrupar la mayoría de las especies, algunos de los errores presentados pudieron ser debido a relacionados con la identificación de las especies. En el caso de *matK*, es posible observar que agrupó correctamente a los individuos de la especie *grandiflora*, a pesar de su bajo porcentaje de similitud (36%). En el caso de *C. grandiflora* 1 y 2, tuvieron un porcentaje mayor (53%) debido

a que sus secuencias tenían mayores porcentajes de cobertura, ya que para ambos individuos, se contaba con las secuencias de *matK* completo y *trnK* parcial, mientras que para el tercer individuo *C. grandiflora* 3, solo estaba *matK* completo. Además, este marcador agrupó a *C. longiscapa* 1 y 2, junto con *C. cf arenaria* 2 (donde cf; confer, lo cual indica que muy probablemente pertenezca a la especie que se le asigna), por lo que *C. arenaria* pudiese no haber sido correctamente identificada. Por último, el dendrograma generado con *phyC* fue no fue incluido en los análisis debido a que sólo presentaban 1 ejemplar de cada especie, por lo que no pudo obtenerse información en cuanto a los agrupamientos.

Cristaria es un género importante dentro de la flora de Atacama, con una gran cantidad de especies que morfológicamente presentan pocos caracteres diagnósticos que ayuden a su identificación (Böhnert *et al.* 2022). Muñoz en 1995, propuso una clave para diferenciar las especies, la cual se basaba en características de las hojas e indica que las hojas son de forma variable en una misma planta, pueden ser distintas las basales, medias y superiores, y también varían de un individuo a otro dentro de las poblaciones. En el mismo trabajo, indica que existen pocos caracteres para diferenciar los taxones y a pesar de que en algunas especies las flores pueden permanecer por largo tiempo (inclusive durante casi todo el año), no cuentan con características suficientes para identificar a nivel de especie (Muñoz 1995). En *Cristaria* el CFI% más alto fue 4,32% para ITS. En los demás marcadores (*matK-trnK*, *ndhF* y *rpl16*) se obtuvieron porcentajes muy bajos (< 1%), los cuales no serían óptimos al momento de escoger un marcador para discriminar entre especies. Contrastando con la cantidad de secuencias que contenía cada matriz, en ITS se evaluaron 18 secuencias, mientras que las otras matrices estaban conformadas por 26, por lo que los bajos CFI% obtenidos se deben principalmente a la variabilidad e información de cada secuencia y no a la cantidad de secuencias utilizadas. Lo anterior concuerda con lo obtenido por Carvalho y colaboradores (2016) donde para la familia Malvaceae determinaron que el gen ITS presentaba el mayor CFI% (43,3%), comparado con los demás genes cloroplastidiales estudiados, como *trnL-F* (7,7%) y *matK* (6,3%). Por otro lado, Cheng y colaboradores (2020) en una evaluación en la familia Malvaceae, sugirieron como código de barras para esta

familia al gen *ycf1* el cual mostró la mayor variación, mientras que *rrn32* fue el gen más conservado. Desafortunadamente, en dicho estudio no se incluyó ninguna especie del género *Cristaria*. Por otro lado, tampoco se encontraron secuencias disponibles de este gen en la búsqueda realizada en el GenBank en este estudio.

Heliotropium es un género con taxones bien diferenciados, estos se definen morfológicamente de manera fácil debido a su peculiar morfología floral, especialmente por sus conspicuas cabezas estigmáticas (Jeiter *et al.* 2018). Las claves taxonómicas fueron actualizadas por Luebert (2020). Debido a lo anterior se asume que los taxones utilizados en este estudio se encuentran correctamente identificados. El CFI% más alto de este estudio fue presentado por el marcador ITS en el género *Heliotropium* (8,37%) y en el análisis de agrupamiento agrupó la mayoría de las especies en los clados correspondientes. Otro de los porcentajes de CFI más altos se obtuvo, en *trnH-psbA* (5,76%). Desafortunadamente en esta matriz se contó con sólo 2 especies que contenían más de 1 individuo para realizar el agrupamiento, sin embargo, estos fueron correctamente agrupados. El marcador *ndhF*, si bien obtuvo uno de los CFI% más bajos de este género, el dendrograma que poseía varias especies con más de un ejemplar, fue capaz de agrupar casi en su totalidad las especies de manera correcta y estuvo estadísticamente bien sustentada. Los marcadores *matK* y *rbcL* agruparon correctamente la mayoría de las especies, sin embargo, su CFI% no superó el 3% y en este caso se utilizó una baja cantidad de secuencias (alrededor de 10 por marcador). En ambos casos (*matK* y *rbcL*) *H. curassavicum* se agrupó en distintos clados. En este género la cantidad de secuencias utilizadas por matriz fue la más alta, ya que había muchas existencias en la base de datos utilizada.

Nolana no posee una taxonomía a nivel de especie del todo resuelta, ya que se siguen descubriendo nuevas especies (por ej. Hepp and Dillon 2018) y persisten dudas sobre la identidad de muchas otras (Hepp 2019). La filogenia se ha basado en construcciones a base de marcadores moleculares y algunas claves taxonómicas entregadas principalmente por Dillon (Tago and Dillon 1999; Dillon *et al.* 2007a; Dillon *et al.* 2007b; Tu *et al.* 2008; Dillon *et al.* 2009). El CFI% más alto estuvo dado

por el marcador *LEAFY* (7,3%). Seguido de *trnH-psbA* (2,28%), *rps16-trnK* (1,36%) y *ndhF* (1,02%). El gen *matK* no presentó caracteres filogenéticamente informativos. El dendrograma generado a partir del marcador *LEAFY*, fue el único marcador capaz de agrupar todas las especies correctamente en este estudio. Tu y colaboradores (2008) emplearon el uso de este marcador en la filogenia de *Nolana*, luego de que en estudios anteriores utilizando ITS y *matK*, no fuera posible resolver la filogenia de este género, obteniendo buenos resultados con dicho gen y con el apoyo de datos de plastidios (entre ellos los utilizados en este estudio: *trnH-psbA*, *rps16-trnK* y *ndhF*).

En general, los dendrogramas generados por las matrices de marcadores nucleares presentaron, estadísticamente los mejores resultados.

La falta de resolución es un fenómeno común en las reconstrucciones filogenéticas de clados jóvenes y ricos en especies del desierto de Atacama (Böhnert *et al.* 2022). El metabarcoding o meta códigos de barra, continúa siendo una opción conveniente al momento de identificar plantas del desierto florido de Atacama en años no lluviosos, integrando la taxonomía correspondiente junto con los métodos moleculares para ser un procedimiento completo (Ruppert *et al.* 2019)

Por último, siguiendo las metodologías empleadas por diversos autores (por ejemplo: Hershkovitz 2006; Carvalho *et al.* 2016; Li *et al.* 2017; Li *et al.* 2020) sería recomendable utilizar marcadores nucleares (como ITS), en conjunto con marcadores plastidiales que muestren el mayor CFI% como *trnH-psbA* en el caso de los géneros *Heliotropium* y *Nolana*, y *phyC* en el caso de *Cistanthe*, o inclusive utilizar de manera combinada más de 1 marcador cloroplastidial. Shaw y colaboradores (2014), aseguran que las secuencias de plastomas se han utilizado con éxito en niveles taxonómicos cada vez más bajos, incluso a nivel de población, y que existen regiones mucho más informativas de los cloroplastos que las comúnmente utilizadas, por lo que es un paso previo importante estudiar otras regiones del cloroplasto que no han sido revisadas.

Conclusión

El CFI% es un buen indicador al momento de escoger un marcador molecular para la identificación de especies. No obstante, debido a la baja cantidad de investigaciones realizadas en el Desierto de Atacama, es que se dispuso de solo unas pocas secuencias al momento de realizar esta investigación. Debido a la escasez de especialistas de plantas del Desierto de Atacama, como son los taxónomos, es que se vuelve un acto aparentemente lejano la creación de una base de datos robusta y fiable. Además, como ya se mencionó los eventos de desierto florido no ocurren todos los años, y la flora presenta distintos tiempos para florecer, ocurriendo en sectores independientes, lo que hace aún más lento este proceso.

En resumen, los datos obtenidos indican que las regiones intrónicas de los genes nucleares ITS y *LEAFY* podrían ser marcadores candidatos para estudios de identificación de especies en el desierto florido. Además, para *Heliotropium* podrían sugerirse los marcadores *ndhF* y *trnH-psbA*. Sin embargo, debido a la escasa información encontrada y además a la no existencia de un código de barras universal en plantas, es que es recomendable continuar evaluando marcadores de manera combinada entre marcadores cloroplastidiales y nucleares para la identificación de taxones.

Finalmente, el ADN ambiental del suelo el cual incluye ADN de tejidos vegetales activos e inactivos, semillas, polen y detritus de plantas, puede revelar potencialmente la diversidad total de plantas del Desierto de Atacama. Para lograrlo es necesario contar con marcadores moleculares (o códigos de barras) bien definidos para cada familia y que revelen taxones a nivel de especie. Es por esto, que es necesario ampliar los estudios en el desierto florido.

Bibliografía

- Ali M, Hemaïd F, Pandit B, Gyulai G, Lee J, Pandey A, Rahman M, Kim S (2015) Nuclear sequences in plant phylogenetics. pp 35–48
- Astorga M (2020) Rhizobacterial communities associated with the flowering desert phenomenon and their potential as plant-growth promoting bacteria. Universidad de la Frontera
- Azofeifa Á (2006) Uso de marcadores moleculares en plantas; aplicaciones en frutales del trópico. *Agronomía meso americana* 17:221–246
- Böhnert T, Luebert F, Merklinger FF, Harpke D, Stoll A, Schneider J v., Blattner FR, Quandt D, Weigend M (2022) Plant migration under long-lasting hyperaridity – phylogenomics unravels recent biogeographic history in one of the oldest deserts on Earth. *New Phytologist* 234:1863–1875. <https://doi.org/10.1111/NPH.18082>
- Carrasco G, Díaz F, Soto D, Hernández C, Contreras O, Maldonado A, Latorre C, Gutiérrez R (2021) Revealing hidden plant diversity in arid environments. *Ecography* 44:98–111. <https://doi.org/10.1111/ecog.05100>
- Carvalho J, Alverson W, Alcantara S, Queiroz L, Mota A, Baum D (2016) Revisiting the phylogeny of Bombacoideae (Malvaceae): Novel relationships, morphologically cohesive clades, and a new tribal classification based on multilocus phylogenetic analyses. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 101:56–74. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2016.05.006>
- Chávez R, Moreira A, Galleguillos M, Olea M, Aguayo J, Latín A, Aguilera I, Muñoz A, Manríquez H (2019) GIMMS NDVI time series reveal the extent, duration, and intensity of “blooming desert” events in the hyper-arid Atacama Desert, Northern Chile. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation* 76:193–203. <https://doi.org/10.1016/j.jag.2018.11.013>
- Cheng Y, Zhang L, Qi J, Zhang L (2020) Complete chloroplast genome sequence of *Hibiscus cannabinus* and comparative analysis of the Malvaceae family. *Frontiers in Genetics* 11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00227>
- China Plant BOL Group, Li D, Gao L, Li HT, Wang H, Ge X, Liu J, Chen Z, Zhou S, Chen S, Yang J, Fu C, Zeng C, Yan H, Zhu Y, Sun Y, Chen S, Zhao L, Wang K, Yang T, Duan G (2011) Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants. *Proc Natl Acad Sci U S A* 108:19641–19646. <https://doi.org/10.1073/pnas.1104551108>
- Coissac E, Riaz T, Puillandre N (2012) Bioinformatic challenges for DNA metabarcoding of plants and animals. *Molecular Ecology* 21:1834–1847
- Contreras R, Aguayo F, Porcile V, van den Brink L, Sepúlveda B (2020) Phylogenetic relationships of plant species from the flowering desert of the Atacama Region.

Boletín Latinoamericano y del caribe de plantas medicinales y aromáticas 19:300–313

- de Vere N, Rich T, Trinder S, Long C (2015) Dna barcoding for plants. In: Methods in Molecular Biology. pp 101–118
- Dillon M, Leiva S, Quipuscoa V (2007a) Five new species of *Nolana* (Solanaceae-Nolaneae) from Peru and notes on the classification for additional taxa. *Arnaldoa* 12:171–190
- Dillon M, Tu T, Xie L, Quipuscoa V, Wen J (2009) Biogeographic diversification in *Nolana* (Solanaceae), a ubiquitous member of the Atacama and Peruvian Deserts along the western coast of South America. *Journal of Systematics and Evolution* 47:457–476. <https://doi.org/10.1111/J.1759-6831.2009.00040.X>
- Dillon M, Tu T, Soejima A, Yi T, Nie Z, Tye A, Wen J (2007b) Phylogeny of *Nolana* (Nolaneae, Solanoideae, Solanaceae) as inferred from granule-bound starch synthase I (GBSSI) sequences. *Taxon* 56:1000–1011. <https://doi.org/10.2307/25065900>
- Dormontt E, van Dijk K, Bell K, Biffin E, Breed M, Byrne M, Caddy S, Encinas F, Nevill P, Shapcott A, Young J, Waycott M, Lowe A (2018) Advancing DNA barcoding and metabarcoding applications for plants requires systematic analysis of herbarium Collections-An australian perspective. *Frontiers in Ecology and Evolution* 0:134. <https://doi.org/10.3389/FEVO.2018.00134>
- Fahner N, Shokralla S, Baird D, Hajibabaei M (2016) Large-scale monitoring of plants through environmental DNA metabarcoding of soil: Recovery, resolution, and annotation of four DNA markers. *PLoS ONE* 11:1–16. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157505>
- Faúndez A, Faúndez L, Flores R (2017) Apuntes de botánica aplicada. Universidad de Chile
- Fišer Ž, Buzan E (2013) 20 years since the introduction of DNA barcoding: from theory to application. *Journal of Applied Genetics* 55:43–52. <https://doi.org/10.1007/s13353-013-0180-y>
- Gajardo R (1994) La vegetación Natural de Chile: Clasificación y Distribución Geográfica. Editorial Universitaria. Santiago, Chile.
- Garreaud R (2009) The Andes climate and weather. *Advances in Geosciences* 22:3–11. <https://doi.org/10.5194/adgeo-22-3-2009>
- Hajibabaei M, Porter TM, Wright M, Rudar J (2019) COI metabarcoding primer choice affects richness and recovery of indicator taxa in freshwater systems. *PLoS ONE* 14. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0220953>

- Hall T, Biosciences I, Carlsbad C (2011) BioEdit: An important software for molecular biology. GEF Bulletin of Biosciences 2:60–61
- Hebert P, Cywinska A, Ball S, DeWaard J (2003) Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences 270:313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hepp J (2019) Characterization of seed dormancy of *Nolana* (Solanaceae) in the coastal Atacama Desert of Chile. Pontificia Universidad Católica de Chile
- Hepp J, Dillon M (2018) A new endemic species of *Nolana* (Solanaceae-Nolaneae) from near Iquique, Chile. Arnelaldea 25. <https://doi.org/10.22497/ARNALDOA.252.25202>
- Herrera C, Gamboa C, Custodio E, Jordan T, Godfrey L, Jódar J, Luque J, Vargas J, Sáez A (2018) Groundwater origin and recharge in the hyperarid Cordillera de la Costa, Atacama Desert, northern Chile. Science of the Total Environment 624:114–132. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.12.134>
- HersHKovitz M (2018a) Synopsis of a new taxonomic synthesis of Montiaceae (Portulacineae) based on rational metadata analysis, with critical new insights on historically poorly understood taxa and a review of ecological evolution and phylogeography. Preprints (Basel) 1–35. <https://doi.org/10.20944/preprints201808.0496.v2>
- HersHKovitz M (2018b) *Cistanthe philhershkovitziana* (Montiaceae): a remarkable annual species of *Cistanthe* sect. *Cistanthe* from Chile. Phytologia 100:208–221
- HersHKovitz M (2019) Systematics, evolution, and phylogeography of Montiaceae (Portulacineae). Preprints (Basel) 1–77. <https://doi.org/10.20944/preprints201903.0206.v3>
- HersHKovitz MA (2006) Evidencia de ADN ribosomal y del cloroplasto para la diversificación de las Portulacáceas de América occidental en la región andina. Gayana Botánica 63:13–74. <https://doi.org/10.4067/S0717-66432006000100002>
- Ibáñez S, Luebert F, Gómez M (2011) Primer registro de *Heliotropium amplexicaule* (Heliotropiaceae) en Chile. Gayana Botánica 68:93–96. <https://doi.org/10.4067/S0717-66432011000100009>
- Iordăchescu M, Udriște A, Bădulescu L (2020) Use of Molecular Markers in Improving Resistance To Biotic Stress in Solanaceae - a review. Horticulture 64:405–412
- Jeiter J, Staedler Y, Schönenberger J, Weigend M, Luebert F (2018) Gynoecium and Fruit Development in *Heliotropium* Sect. *Heliothamnus* (Heliotropiaceae). <https://doi.org/10.1086/696219> 179:275–286. <https://doi.org/10.1086/696219>
- Katoh K, Rozewicki J, Yamada K (2019) MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. Briefings in Bioinformatics 20:1160–1166. <https://doi.org/10.1093/bib/bbx108>

- Li L, Jiang Y, Liu Y, Niu Z, Xue Q, Liu W, Ding X (2020) The large single-copy (LSC) region functions as a highly effective and efficient molecular marker for accurate authentication of medicinal *Dendrobium* species. *Acta Pharmaceutica Sinica B* 10:1989–2001. <https://doi.org/10.1016/j.apsb.2020.01.012>
- Li Q, Wu J, Wang Y, Lian X, Wu F, Zhou L, Huang Z, Zhu S (2017) The phylogenetic analysis of *Dalbergia* (Fabaceae: Papilionaceae) based on different DNA barcodes. *Holzforschung* 71:939–949. <https://doi.org/10.1515/hf-2017-0052>
- Luebert F (2020) Revisión de *Heliotropium* sects. *Heliothamnus*, *Heliotrophytum*, *Hypsogenia*, *Plagiomeris* y *Platyginia* (Heliotropiaceae) en Chile. *Gayana Botánica* 77:115–138. <https://doi.org/10.4067/S0717-66432020000200115>
- Merklinger F, Zheng Y, Luebert F, Harpke D, Böhnert T, Stoll A, Koch M, Blattner F, Wiehe T, Quandt D (2020) Population genomics of *Tillandsia landbeckii* reveals unbalanced genetic diversity and founder effects in the Atacama Desert. *Global and Planetary Change* 184:1–11. <https://doi.org/10.1016/j.gloplacha.2019.103076>
- Michałowska E, Lema J (2018) Issr markers in the genetic diversity of chrysanthemum plants derived via somatic embryogenesis. 17–25. <https://doi.org/10.22630/ZPPNR.2018.594.22>
- Miller S, Hausmann A, Hallwachs W, Janzen D (2016) Advancing taxonomy and bioinventories with DNA barcodes. *The Royal Society B: Biological Sciences* 371:1–8. <https://doi.org/10.1098/rstb.2015.0339>
- Mosa K, Gairola S, Jamdade R, El-Keblawy A, al Shaer K, al Harthi E, Shabana H, Mahmoud T (2019) The promise of molecular and genomic techniques for biodiversity research and DNA barcoding of the Arabian Peninsula Flora. *Frontiers in Plant Science* 9:1-19
- Muñoz M (1995) Revisión del género *Cristaria* (Malvaceae) en Chile. *Boletín del Museo Nacional de Historia Natural de Chile* 45:45–110
- Nadeem M, Nawaz M, Shahid M, Doğan Y, Comertpay G, Yıldız M, Hatipoğlu R, Ahmad F, Alsaleh A, Labhane N, Özkan H, Chung G, Baloch F (2018) DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology and Biotechnological Equipment* 32:261–285. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>
- Pärtel M (2014) Community ecology of absent species: hidden and dark diversity. *Journal of Vegetation Science* 25:1154–1159. <https://doi.org/10.1111/JVS.12169>
- Rodríguez R, Marticorena C, Alarcón D, Baeza C, Cavieres L, Finot V, Fuentes N, Kiessling A, Mihoc M, Pauchard A, Ruiz E, Sánchez P, Marticorena A (2018) Catálogo de las plantas vasculares de Chile. In: *Gayana Botánica*. <http://catalogoplantas.udec.cl/>.

- Romeiro M, Moraes E, Taylor N, Zappi D, Franco F (2016) Lineage-specific evolutionary rate in plants: Contributions of a screening for *Cereus* (Cactaceae). *Applications in Plant Sciences* 4:1–8. <https://doi.org/10.3732/apps.1500074>
- Ruppert K, Kline R, Rahman S (2019) Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecology and Conservation* 17:1–29. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2019.e00547>
- Schmid C, Straka J, Ljubomirov T, Blagoev G, Morinière J, Schmidt S (2019) DNA barcodes identify 99 per cent of apoid wasp species (Hymenoptera: Ampulicidae, Crabronidae, Sphecidae) from the Western Palearctic. *Molecular Ecology Resources* 19:476–484. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12963>
- Shaw J, Shafer H, Rayne Leonard, Kovach M, Schorr M, Morris A (2014) Chloroplast DNA sequence utility for the lowest phylogenetic and phylogeographic inferences in angiosperms: The tortoise and the hare IV. *American Journal of Botany* 101:1987–2004. <https://doi.org/10.3732/ajb.1400398>
- Šmarda P, Bureš P, Horová L, Leitch I, Mucina L, Pacini E, Tichý L, Grulich V, Rotreklová O (2014) Ecological and evolutionary significance of genomic GC content diversity in monocots. *Proc Natl Acad Sci U S A* 111: E4096–E4102. <https://doi.org/10.1073/pnas.1321152111>
- Squeo F, Arroyo M, Marticorena A, Arancio G, Muñoz M, Negritto M, Rojas G, Rosas M, Rodríguez R, Barrera E, Marticorena C (2008) Catálogo de la Flora Vascular de la Región de Atacama. In: Ediciones Universidad de La Serena (ed) Libro Rojo de la Flora Nativa y de los Sitios Prioritarios para su Conservación: Región de Atacama. pp 97–120
- Tago M, Dillon M (1999) Biogeografía y evolución del clado *Nolana* (Nolaneae-Solanaceae). *Arnaldoa* 6:81–116
- Tikendra L, Koijam AS, Nongdam P (2019) Molecular markers based genetic fidelity assessment of micropropagated *Dendrobium chrysotoxum* Lindl. *Meta Gene* 20:100562. <https://doi.org/10.1016/J.MGENE.2019.100562>
- Troncoso S (2020) Diversidad de macrohongos en áreas desérticas del norte grande de Chile. Tesis para optar al grado de Magister en Ciencias mención Botánica, Universidad de Concepción
- Tu T, Dillon M, Sun H, Wen J (2008) Phylogeny of *Nolana* (Solanaceae) of the Atacama and Peruvian deserts inferred from sequences of four plastid markers and the nuclear LEAFY second intron. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 49:561–573. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.07.018>
- van der Heyde M, Bunce M, Wardell G, Fernandes K, White N, Nevill P (2020) Testing multiple substrates for terrestrial biodiversity monitoring using environmental DNA

metabarcoding. *Molecular Ecology Resources* 20:732–745.
<https://doi.org/10.1111/1755-0998.13148>

Vidiella P, Armesto J, Gutiérrez J (1999) Vegetation changes and sequential flowering after rain in the southern Atacama Desert. *Journal of Arid Environments* 43:449–458. <https://doi.org/10.1006/jare.1999.0565>

Wang Y, Wang S, Liu Y, Yuan Q, Sun J, Guo L (2021) Chloroplast genome variation and phylogenetic relationships of *Atractylodes* species. *BMC Genomics* 22:1–12. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07394-8>

Wangensteen O, Palacín C, Guardiola M, Turon X (2018) DNA metabarcoding of littoral hardbottom communities: High diversity and database gaps revealed by two molecular markers. *PeerJ* 2018: e4705. <https://doi.org/10.7717/PEERJ.4705/SUPP-12>

Watson J, Flores A, Rojas G (2016) Flores silvestres del norte grande de Chile, 1st edn. Santiago

Wu Y, Yang Y, Liu M, Wang B, Wang Y, Wang H (2019) Applying *COI* barcode to identify animal origin of food. *Journal of Food Science* 84:1256–1265. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.14627>

Yang F, Ding F, Chen H, He M, Zhu S, Ma X, Jiang L, Li H (2018) DNA barcoding for the identification and authentication of animal species in traditional medicine. *Evidence-based Complementary and Alternative Medicine* 2018:1–18

Zhang H, Bu W (2022) Exploring large-scale patterns of genetic variation in the *COI* gene among insecta: Implications for DNA barcoding and threshold-based species delimitation studies. *Insects* 13:1–11. <https://doi.org/10.3390/insects13050425>

Anexo

Nº Accesión	Marcador	Especie
	<i>CISTANTHE</i>	
>DQ090394.1	ITS	<i>Cistanthe salsoloides</i> 1

>DQ090392.1	ITS	<i>Cistanthe celosioides</i> 1
>DQ090391.1	ITS	<i>Cistanthe celosioides</i> 2
>FJ614058.1	ITS	<i>Cistanthe salsoloides</i> 2
>DQ090388.1	ITS	<i>Cistanthe celosioides</i> 3
>DQ090387.1	ITS	<i>Cistanthe calycina</i> 4
>DQ090386.1	ITS	<i>Cistanthe densiflora</i> 2
>DQ090385.1	ITS	<i>Cistanthe densiflora</i> 3
>DQ090384.1	ITS	<i>Cistanthe densiflora</i> 4
>DQ090383.1	ITS	<i>Cistanthe densiflora</i> 5
>DQ090382.1	ITS	<i>Cistanthe calycina</i> 1
>DQ090381.1	ITS	<i>Cistanthe calycina</i> 2
>DQ090380.1	ITS	<i>Cistanthe amaranthoides</i> 1
>DQ090379.1	ITS	<i>Cistanthe amaranthoides</i> 2
>DQ090378.1	ITS	<i>Cistanthe aff. calycina</i> 3
>DQ090377.1	ITS	<i>Cistanthe celosioides</i> 3
>DQ090376.1	ITS	<i>Cistanthe aff. densiflora</i> 1
>DQ090261.1	ITS	<i>Cistanthe discolor</i> 1
>DQ090257.1	ITS	<i>Cistanthe discolor</i> 2
>DQ090256.1	ITS	<i>Cistanthe discolor</i> 3
>DQ090250.1	ITS	<i>Cistanthe cabreræ</i>
>DQ090246.1	ITS	<i>Cistanthe grandiflora</i>
>DQ090393.1	ITS	<i>Philippiamra pachyphylla</i> 1
>DQ090395.1	ITS	<i>Philippiamra pachyphylla</i> 2
>L78025.1	ITS	<i>Cistanthe densiflora</i> 6
>DQ090198.1	ITS	<i>Cistanthe humilis</i>
>DQ090203.1	ITS	<i>Cistanthe aff. longiscapa</i> 12
>DQ090205.1	ITS	<i>Cistanthe cymosa</i>
>DQ090206.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 8
>DQ090207.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 9
>DQ090209.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 10
>DQ090211.1	ITS	<i>Cistanthe arenaria</i>
>DQ090210.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 11
>DQ090213.1	ITS	<i>Cistanthe aff. cymosa</i>
>DQ090215.1	ITS	<i>Cistanthe frigida</i>
>DQ090216.1	ITS	<i>Cistanthe cymosa</i>
>DQ090217.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 1
>DQ090218.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 2
>DQ090219.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 3
>DQ090221.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 4
>DQ090222.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 5
>DQ090223.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 6
>DQ090225.1	ITS	<i>Cistanthe longiscapa</i> 7
>DQ090230.1	ITS	<i>Cistanthe cephalophora</i>
>DQ090232.1	ITS	<i>Cistanthe picta</i>
>DQ090233.1	ITS	<i>Cistanthe coquimbensis</i>
>DQ090234.1	ITS	<i>Cistanthe cymosa</i> 1

>DQ090235.1	ITS	<i>Cistanthe cymosa</i> 2
>DQ090236.1	ITS	<i>Cistanthe cymosa</i> 3
>DQ090237.1	ITS	<i>Cistanthe cymosa</i> 4
>DQ090239.1	ITS	<i>Cistanthe arenaria</i>
>FJ614056.1	ITS	<i>Cistanthe grandiflora</i> 1
>HM116396.1	ITS	<i>Cistanthe grandiflora</i> 2
>HQ620862.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe picta</i>
>AY042568.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe grandiflora</i> 3
>JX456305.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe cf. cephalophora</i>
>JX456302.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe grandiflora</i> 1
>JX456301.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe discolor</i>
>JX456297.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe arenaria</i>
>JX456296.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe densiflora</i>
>JX456295.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe cf. coquimbensis</i>
>JX456294.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe calycina</i>
>JX456293.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe salsoloides</i>
>JX456292.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe celosioides</i>
>JX456291.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 1
>JX456289.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 2
>JX456288.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe cf. thyrsoides</i>
>JX456280.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe cymosa</i>
>JX456279.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe grandiflora</i> 2
>JX456290.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cistanthe amarantoides</i>
>HQ621092.1	<i>phyC</i>	<i>Cistanthe picta</i>
>JX456341.1	<i>phyC</i>	<i>Cistanthe arenaria</i>
>JX456340.1	<i>phyC</i>	<i>Cistanthe densiflora</i>
>JX456338.1	<i>phyC</i>	<i>Cistanthe celosioides</i>
>JX456339.1	<i>phyC</i>	<i>Cistanthe cymosa</i>
>HQ621087.1	<i>phyC</i>	<i>Cistanthe grandiflora</i>
>DQ090360.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe salsoloides</i>
>DQ090358.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe celosioides</i> 3
>DQ090357.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe celosioides</i> 1
>DQ090354.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe celosioides</i> 2
>DQ090353.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe calycina</i> 1
>DQ090352.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe densiflora</i> 1
>DQ090351.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe densiflora</i> 2
>DQ090350.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe densiflora</i> 3
>DQ090349.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe densiflora</i> 4
>DQ090348.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe calycina</i> 2
>DQ090347.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe calycina</i> 3
>DQ090346.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe amarantoides</i> 1
>DQ090345.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe amarantoides</i> 2
>DQ090344.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe aff. calycina</i> 4

>DQ090343.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe celosioides</i> 4
>DQ090342.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe aff. densiflora</i> 5
>DQ090185.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cabreræ</i>
>DQ090181.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe grandiflora</i> 1
>DQ090175.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe grandiflora</i> 2
>DQ090174.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe arenaria</i>
>DQ090172.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cymosa</i> 1
>DQ090171.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cymosa</i> 2
>DQ090170.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cymosa</i> 3
>DQ090169.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cymosa</i> 4
>DQ090168.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe coquimbensis</i>
>DQ090167.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe picta</i>
>DQ090140.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cymosa</i> 5
>DQ090141.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 1
>DQ090142.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 2
>DQ090144.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 3
>DQ090145.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 5
>DQ090146.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 6
>DQ090148.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe aff. cymosa</i> 6
>DQ090150.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe frigida</i>
>DQ090151.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cymosa</i> 7
>DQ090152.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 7
>DQ090153.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 8
>DQ090154.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 9
>DQ090156.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 10
>DQ090157.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 11
>DQ090158.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 12
>DQ090160.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe longiscapa</i> 4
>DQ090165.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe cephalophora</i>
>DQ090133.1	<i>ycf3-trnA</i>	<i>Cistanthe humilis</i>
CRISTARIA		
>AY373007.1	ITS	<i>Cristaria integerrima</i>
>AY373004.1	ITS	<i>Cristaria viridi-luteola</i>
>AY373003.1	ITS	<i>Cristaria gracilis</i> 1
>AY373002.1	ITS	<i>Cristaria aspera</i> 1
>AY373001.1	ITS	<i>Cristaria ovata</i>
>AY373000.1	ITS	<i>Cristaria molinae</i>
>AY372999.1	ITS	<i>Cristaria andicola</i>
>AY372998.1	ITS	<i>Cristaria cyanea</i>
>AY372997.1	ITS	<i>Cristaria glaucophylla</i>
>AY372996.1	ITS	<i>Cristaria integerrima</i>
>AY372995.1	ITS	<i>Cristaria adenophora</i>
>AY372994.1	ITS	<i>Cristaria dissecta</i> 1
>AY372993.1	ITS	<i>Cristaria aspera</i> 2
>AY372991.1	ITS	<i>Cristaria dissecta</i> 2

>AY372990.1	ITS	<i>Cristaria fuentesiana</i>
>AY591821.1	ITS	<i>Cristaria andicola</i>
>FJ204684.1	ITS	<i>Cristaria gracilis</i> 2
>EF411058.1	ITS	<i>Cristaria argyliifolia</i>
	ITS	
>MN129843.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria multiflora</i>
>MN129842.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria andicola</i> 1
>MN129841.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria gracilis</i> 1
>MN129836.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 1
>MN129830.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 2
>MN129829.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria adenophora</i>
>MN129828.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria aspera</i> 1
>MN129827.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria argyliifolia</i>
>MN129826.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria cyanea</i>
>MN129825.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria fuentesiana</i>
>MN129824.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria aspera</i> 2
>MN129822.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria ovata</i> 1
>MN129819.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria ovata</i> 2
>MN129821.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria glaucophylla</i>
>MN129818.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria dissecta</i>
>MN129817.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria molinae</i> 1
>MN129816.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria viridi-luteola</i> 1
>MN129815.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria molinae</i> 2
>MN129814.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 3
>MN129813.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 4
>MN129812.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 5
>MN129811.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria viridi-luteola</i> 2
>MN129810.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria calderiana</i>
>MN129809.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria glaucophylla</i>
>FJ204696.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria gracilis</i> 2
>FJ204705.1	<i>matK-trnK</i>	<i>Cristaria andicola</i> 2
>FJ204746.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria andicola</i> 1
>MK728867.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria multiflora</i>
>MK728866.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria andicola</i> 2
>MK728865.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria gracilis</i>
>MK728860.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 1
>MK728854.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 2
>MK728853.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria adenophora</i>
>MK728852.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria aspera</i> 1
>MK728851.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria argyliifolia</i>
>MK728850.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria cyanea</i>
>MK728849.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria fuentesiana</i>
>MK728848.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria aspera</i> 2
>MK728844.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria ovata</i> 2
>MK728843.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria glaucophylla</i> 1

>MK728841.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria ovata</i> 1
>MK728840.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria dissecta</i>
>MK728839.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria molinae</i> 1
>MK728838.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria viridi-luteola</i>
>MK728836.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria molinae</i> 2
>MK728835.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 3
>MK728834.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 4
>MK728833.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 5
>MK728832.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria viridi-luteola</i>
>MK728831.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria calderiana</i>
>MK728830.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria glaucophylla</i> 2
>FJ204745.1	<i>ndhF</i>	<i>Cristaria gracilis</i>
>MN120552.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria multiflora</i>
>MN120551.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria andicola</i> 1
>MN120550.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria gracilis</i> 1
>MN120545.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 1
>MN120539.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 2
>MN120538.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria adenophora</i>
>MN120537.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria aspera</i> 1
>MN120536.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria argyliifolia</i>
>MN120535.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria cyanea</i>
>MN120534.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria fuentesiana</i>
>MN120533.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria aspera</i> 2
>MN120529.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria ovata</i> 1
>MN120528.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria glaucophylla</i> 1
>MN120526.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria ovata</i> 2
>MN120525.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria dissecta</i>
>MN120524.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria molinae</i> 1
>MN120523.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria viridi-luteola</i> 1
>MN120521.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria molinae</i> 2
>MN120520.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 3
>MN120519.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 4
>MN120518.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria integerrima</i> 5
>MN120517.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria viridi-luteola</i> 2
>MN120516.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria calderiana</i>
>MN120515.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria glaucophylla</i> 2
>FJ204763.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria andicola</i> 2
>FJ204754.1	<i>rpl16</i>	<i>Cristaria gracilis</i> 2
	HELIOTROPIUM	
>KY764601.1	ITS	<i>Heliotropium curassavicum</i> 1
>KY764600.1	ITS	<i>Heliotropium curassavicum</i> 2
>EF688861.1	ITS	<i>Heliotropium floridum</i> 1
>HQ286107.1	ITS	<i>Heliotropium myosotifolium</i>
>EF688901.1	ITS	<i>Heliotropium longistylum</i> 1

>EF688900.1	ITS	<i>Heliotropium filifolium</i> 1
>EF688899.1	ITS	<i>Heliotropium stenophyllum</i>
>EF688897.1	ITS	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>EF688896.1	ITS	<i>Heliotropium curassavicum</i> 3
>EF688893.1	ITS	<i>Heliotropium floridum</i> 2
>EF688892.1	ITS	<i>Heliotropium linearifolium</i>
>EF688891.1	ITS	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 1
>EF688890.1	ITS	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 2
>EF688887.1	ITS	<i>Heliotropium philippianum</i> 1
>EF688886.1	ITS	<i>Heliotropium philippianum</i> 2
>EF688885.1	ITS	<i>Heliotropium glutinosum</i> 3
>EF688884.1	ITS	<i>Heliotropium floridum</i> 3
>EF688883.1	ITS	<i>Heliotropium longistylum</i> 2
>EF688882.1	ITS	<i>Heliotropium filifolium</i> 2
>EF688881.1	ITS	<i>Heliotropium sinuatum</i> 1
>EF688879.1	ITS	<i>Heliotropium glutinosum</i> 1
>EF688878.1	ITS	<i>Heliotropium glutinosum</i> 2
>EF688877.1	ITS	<i>Heliotropium huascoense</i> 1
>EF688876.1	ITS	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>EF688875.1	ITS	<i>Heliotropium stenophyllum</i>
>EF688874.1	ITS	<i>Heliotropium huascoense</i> 2
>EF688873.1	ITS	<i>Heliotropium huascoense</i> 3
>EF688872.1	ITS	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 1
>EF688871.1	ITS	<i>Heliotropium sinuatum</i> 2
>EF688870.1	ITS	<i>Heliotropium linearifolium</i> 1
>EF688869.1	ITS	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 2
>EF688868.1	ITS	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 1
>EF688866.1	ITS	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 2
>EF688864.1	ITS	<i>Heliotropium sclerocarpum</i>
>EF688863.1	ITS	<i>Heliotropium linearifolium</i> 2
>EF688862.1	ITS	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 3
>KF805130.1	ITS	<i>Heliotropium longiflorum</i>
>KR735043.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 1
>KR735023.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 2
>KR734610.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 3
>KR734561.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 4
>KY764567.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 1
>KY764566.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 2
>KY764565.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 3
>HM850863.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 4
>JQ587118.1	<i>matK</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 5
>EF688952.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium longistylum</i> 1
>EF688951.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium filifolium</i> 1
>EF688950.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i> 1

>EF688949.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 6
>EF688946.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 1
>EF688945.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium linariifolium</i>
>EF688944.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 1
>EF688943.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 2
>EF688940.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium philippianum</i> 1
>EF688939.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium philippianum</i> 2
>EF688938.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i> 1
>EF688937.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 2
>EF688936.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium longistylum</i> 2
>EF688935.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium filifolium</i> 2
>EF688934.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i> 1
>EF688932.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i> 2
>EF688931.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i> 1
>EF688930.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 3
>EF688929.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i> 1
>EF688928.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i> 2
>EF688927.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i> 3
>EF688926.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 1
>EF688925.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 2
>EF688924.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 1
>EF688923.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i> 2
>EF688922.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium linariifolium</i> 1
>EF688921.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 2
>EF688920.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 1
>EF688918.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 2
>EF688916.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium sclerocarpum</i>
>EF688915.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium linariifolium</i> 2
>EF688913.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 3
>EF688914.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 3
>KF301625.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i> 2
>KF301624.1	<i>ndhF</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i> 2
>KR737366.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 1
>KR737333.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 2
>KR736742.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 3
>KR736675.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 4
>MG223565.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 1
>KF158148.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i>
>KF158145.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 2
>KF158141.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i>
>HM850048.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 3
>JQ590921.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 4
>JQ590920.1	<i>rbcL</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 5
>EF689003.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium longistylum</i> 1

>EF689002.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium filifolium</i> 1
>EF689001.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i> 1
>EF688999.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i>
>EF688996.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 1
>EF688995.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium linearifolium</i> 1
>EF688994.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 1
>EF688993.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 2
>HQ286228.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i> 1
>EF688990.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium philippianum</i> 1
>EF688989.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium philippianum</i> 2
>EF688988.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i> 1
>EF688987.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 2
>EF688986.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium longistylum</i> 2
>EF688985.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium filifolium</i> 2
>EF688984.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i> 1
>EF688982.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i> 2
>KF301627.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>EF688981.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i> 2
>EF688980.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 1
>EF688979.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>EF688978.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i> 2
>EF688977.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 2
>EF688976.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 3
>EF688975.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 1
>EF688974.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i> 2
>EF688973.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium linearifolium</i> 2
>EF688972.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 2
>EF688971.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 1
>EF688969.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 2
>EF688967.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium sclerocarpum</i>
>EF688966.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium linearifolium</i> 3
>EF688965.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 3
>EF688964.1	<i>rps16</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 3
>KR735894.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 1
>KR735868.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 2
>KR735410.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium longiflorum</i> 3
>KY764591.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 1
>HQ286201.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 2
>HQ286181.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i>
>HQ286180.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i>
>HQ286179.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i>
>HQ286178.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium philippianum</i>
>HQ286177.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i>
>HQ286176.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>HQ286175.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium longistylum</i>

>HQ286174.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium linariifolium</i>
>HQ286172.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i>
>HQ286171.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i>
>HQ286167.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i>
>HQ286169.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium filifolium</i>
>HQ286170.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Heliotropium floridum</i>
>KY764553.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 1
>HQ286135.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i>
>EF688849.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium longistylum</i> 1
>EF688848.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium filifolium</i> 1
>EF688847.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i> 1
>EF688844.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>EF688843.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 2
>EF688840.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 1
>EF688839.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium linearifolium</i> 1
>EF688838.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 1
>EF688837.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 2
>EF688834.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium philippianum</i> 1
>EF688833.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium philippianum</i> 2
>EF688832.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i> 1
>EF688831.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 2
>EF688830.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium longistylum</i> 2
>EF688829.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium filifolium</i> 2
>EF688828.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i> 1
>EF688826.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i> 2
>EF688825.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i>
>EF688824.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 1
>EF688823.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>EF688822.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i> 2
>EF688821.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 2
>EF688820.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium huascoense</i> 3
>EF688819.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 1
>EF688818.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i> 2
>EF688817.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium linearifolium</i> 2
>EF688816.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 2
>EF688813.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i>
>EF688811.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium sclerocarpum</i>
>EF688810.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium linearifolium</i> 3
>EF688809.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 3
>EF688808.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium floridum</i> 3
>EF688815.1	<i>trnL-trnF</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 1
>KY764547.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 3
>HQ286080.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium curassavicum</i> 4
>HQ286060.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium stenophyllum</i>

>HQ286059.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium sinuatum</i>
>HQ286058.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium pycnophyllum</i> 2
>HQ286057.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium philippianum</i>
>HQ286056.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium myosotifolium</i>
>HQ286055.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium megalanthum</i>
>HQ286054.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium longistylum</i>
>HQ286053.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium linariifolium</i>
>HQ286051.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium inconspicuum</i> 4
>HQ286050.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium glutinosum</i>
>HQ286049.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium floridum</i>
>HQ286048.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium filifolium</i>
>HQ286046.1	<i>trnS-trnG</i>	<i>Heliotropium chenopodiaceum</i> 3
	NOLANA	
>FJ914151.1	<i>atpB</i>	<i>Nolana werdermannii</i>
>FJ914149.1	<i>atpB</i>	<i>Nolana sessiliflora</i>
>FJ914147.1	<i>atpB</i>	<i>Nolana coelestis</i>
>FJ914146.1	<i>atpB</i>	<i>Nolana baccata</i>
>FJ914144.1	<i>atpB</i>	<i>Nolana acuminata</i>
>JQ627177.1	<i>atpB</i>	<i>Nolana rupicola</i>
>JQ627170.1	<i>atpB</i>	<i>Nolana elegans</i>
>FJ914094.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 1
>EU742302.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 2
>EU742301.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 3
>EU742300.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 4
>EU742299.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 5
>EU742297.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana baccata</i>
>EU742296.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana pterocarpa</i> 1
>EU742295.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana pterocarpa</i> 2
>EU742294.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana pterocarpa</i> 3
>EU742293.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana parviflora</i>
>EU742289.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana coelestis</i>
>EU742288.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana filifolia</i>
>EU742287.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana carnosa</i>
>EU742286.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana rostrata</i> 1
>EU742285.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana rostrata</i> 2
>EU742259.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana clivicola</i>
>EU742221.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 1
>EU742220.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 2
>EU742219.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 3
>EU742218.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 4
>EU742217.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 5
>EU742211.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana leptophylla</i>
>EU742209.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana peruviana</i>
>EU742208.1	<i>LEAFY</i>	<i>Nolana incana</i> 1

>EU742207.1	LEAFY	<i>Nolana incana</i> 2
>EU742206.1	LEAFY	<i>Nolana incana</i> 3
>EU742205.1	LEAFY	<i>Nolana divaricata</i>
>EU742204.1	LEAFY	<i>Nolana crassulifolia</i>
>EU742203.1	LEAFY	<i>Nolana sedifolia</i> 1
>EU742202.1	LEAFY	<i>Nolana sedifolia</i> 2
>EU742201.1	LEAFY	<i>Nolana sedifolia</i> 3
>EU742200.1	LEAFY	<i>Nolana sedifolia</i> 4
>EU742194.1	LEAFY	<i>Nolana salsoloide</i>
>EU742192.1	LEAFY	<i>Nolana aplocaryoides</i>
>EU742215.1	LEAFY	<i>Bargemontia sphaerophylla</i> 1
>EU742214.1	LEAFY	<i>Bargemontia sphaerophylla</i> 2
>EU742213.1	LEAFY	<i>Bargemontia sphaerophylla</i> 3
>EU742212.1	LEAFY	<i>Bargemontia sphaerophylla</i> 4
>EU742210.1	LEAFY	<i>Bargemontia sphaerophylla</i> 5
>AB036648.1	matK	<i>Nolana rostrata</i>
>AB036647.1	matK	<i>Nolana albescens</i>
>FJ913999.1	ndhF	<i>Nolana sessiliflora</i> 1
>EU742370.1	ndhF	<i>Nolana werdermannii</i> 1
>EU742358.1	ndhF	<i>Nolana sessiliflora</i> 2
>EU742357.1	ndhF	<i>Nolana sedifolia</i>
>EU742355.1	ndhF	<i>Nolana salsoloides</i>
>EU742354.1	ndhF	<i>Nolana rupicola</i>
>EU742353.1	ndhF	<i>Nolana rostrata</i>
>EU742351.1	ndhF	<i>Nolana pterocarpa</i>
>EU742349.1	ndhF	<i>Nolana peruviana</i> 1
>EU742348.1	ndhF	<i>Nolana peruviana</i> 2
>EU742347.1	ndhF	<i>Nolana parviflora</i> 3
>EU742344.1	ndhF	<i>Nolana mollis</i>
>EU742342.1	ndhF	<i>Nolana linearifolia</i>
>EU742340.1	ndhF	<i>Nolana leptophylla</i>
>EU742331.1	ndhF	<i>Nolana glauca</i>
>EU742328.1	ndhF	<i>Nolana flaccida</i>
>EU742327.1	ndhF	<i>Nolana filifolia</i>
>EU742326.1	ndhF	<i>Nolana elegans</i>
>EU742325.1	ndhF	<i>Nolana divaricata</i>
>EU742323.1	ndhF	<i>Nolana crassulifolia</i>
>EU742321.1	ndhF	<i>Nolana coelestis</i> 1
>EU742320.1	ndhF	<i>Nolana clivicola</i>
>EU742316.1	ndhF	<i>Nolana carnosa</i>
>EU742314.1	ndhF	<i>Nolana baccata</i>
>EU742310.1	ndhF	<i>Nolana aplocaryoides</i>
>EU742309.1	ndhF	<i>Nolana albescens</i>
>EU742307.1	ndhF	<i>Nolana acuminata</i>

>EU580918.1	<i>ndhF</i>	<i>Nolana linearifolia</i>
>FJ189667.1	<i>ndhF</i>	<i>Nolana coelestis</i> 2
>FJ189666.1	<i>ndhF</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 2
>EU742360.1	<i>ndhF</i>	<i>Bargemontia sphaerophylla</i>
>FJ914170.1	<i>rbcL</i>	<i>Nolana werdermannii</i>
>FJ914168.1	<i>rbcL</i>	<i>Nolana sessiliflora</i>
>FJ914166.1	<i>rbcL</i>	<i>Nolana coelestis</i>
>FJ914165.1	<i>rbcL</i>	<i>Nolana baccata</i>
>FJ914163.1	<i>rbcL</i>	<i>Nolana acuminata</i>
>AB051021.1	<i>rbcL</i>	<i>Nolana albescens</i>
>FJ914182.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 1
>EU742401.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana incana</i>
>EU742438.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana werdermannii</i>
>EU742435.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana villosa</i>
>EU742426.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 2
>EU742425.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana sedifolia</i>
>EU742423.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana salsoloides</i>
>EU742422.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana rupicola</i>
>EU742421.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana rostrata</i>
>EU742419.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana pterocarpa</i>
>EU742417.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana peruviana</i> 1
>EU742416.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana peruviana</i> 2
>EU742415.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana parviflora</i>
>EU742412.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana mollis</i>
>EU742410.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana linearifolia</i>
>EU742408.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana leptophylla</i>
>EU742375.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana acuminata</i>
>EU742377.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana albescens</i>
>EU742378.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana aplocaryoides</i>
>EU742382.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana baccata</i>
>EU742384.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana carnosa</i>
>EU742388.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana clivicola</i>
>EU742389.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana coeletis</i> 1
>EU742391.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana crassulifolia</i>
>EU742393.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana divaricata</i>
>EU742394.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana elegans</i>
>EU742395.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana filifolia</i>
>EU742396.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana flaccida</i>
>EU742399.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana glauca</i>
>FJ189704.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana werdermannii</i>
>FJ189705.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Nolana coelestis</i> 2
>EU742428.1	<i>rps16-trnK</i>	<i>Bargemontia sphaerophylla</i>
>FJ914065.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 1

>EU742506.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 1
>EU742503.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana villosa</i>
>EU742494.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana sessiliflora</i> 2
>EU742493.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana sedifolia</i>
>EU742491.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana salsoloides</i>
>EU742490.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana rupicola</i>
>EU742489.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana rostrata</i>
>EU742487.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana pterocarpa</i>
>EU742485.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana peruviana</i> 1
>EU742484.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana peruviana</i> 2
>EU742483.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana parviflora</i>
>EU742480.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana mollis</i>
>EU742478.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana linearifolia</i>
>EU742476.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana leptophylla</i>
>EU742469.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana incana</i>
>EU742467.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana glauca</i>
>EU742464.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana flaccida</i>
>EU742463.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana filifolia</i>
>EU742462.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana elegans</i>
>EU742461.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana divaricata</i>
>EU742459.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana crassulifolia</i>
>EU742457.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana coelestis</i> 1
>EU742456.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana clivicola</i>
>EU742452.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana carnosa</i>
>EU742450.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana baccata</i>
>EU742446.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana aplocaryoides</i>
>EU742445.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana albescens</i>
>EU742443.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana acuminata</i>
>FJ189605.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana coelestis</i> 2
>FJ189604.1	<i>trnH-psbA</i>	<i>Nolana werdermannii</i> 2