**UNIVERSIDAD MICHOACANA DE SAN NICOLÁS DE HIDALGO**

**FACULTAD DE BIOLOGÍA**

**PROGRAMA INSTITUCIONAL DE MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

**ECOLOGÍA Y CONSERVACIÓN**

**TESIS**

# FILOGENÓMICA DE *SALVIA* SUBGÉNERO *CALOSPHACE* (LAMIACEAE)

**Que presenta**

BIOL. MARÍA DE LA LUZ PÉREZ GARCÍA

**Para obtener el título de**

**MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS**

**Tutor**

DRA. SABINA IRENE LARA CABRERA

**Morelia Michoacán, marzo de 2019**

## AGRADECIMIENTO

A mi asesora de Tesis la Dra. Sabina Irene Lara Cabrera, por su apoyo y revisión constante del proyecto.

A mis sinodales

Dra. Gabriela Domínguez Vázquez

Dr. Juan Carlos Montero Castro, por su valiosa aportación y comentarios al escrito

Dr. Victor Werner Steinmann por su apoyo en todo momento y siempre darme ánimos de seguir adelante con el proyecto asi como sus cometarios del escrito y del proyecto

Dr. J. Mark Porter por su apoyo y las facilidades prestadas para poder realizar la estancia en Rancho Santa Ana Botanic Garden

Dr. Carlos Alonso Maya Lastra por su aportación y ayuda con los programas bioinformáticos y los comentarios y sugerencias para mejorar el escrito

M.C. Lina Adonay Urrea Galeano por su amistad y apoyo en todo momento desde el inicio de la maestría

A Luis A. Rojas Martínez por apoyo y amor incondicional en cada momento de este proceso y por siempre impulsarme a ser mejor en lo que hago

M.C. Sandra Tobón Cornejo por su amistad incondicional en todo momento

A mis compañeros de laboratorio Karina, Everardo, Diego, Pedro, Jesús y Dago por su amistad

DEDICATORIA

A la familia

*Pérez-García*

A mis padres:

*María Emma García López y Laurentino Pérez Villa*

*por su apoyo y amor incondicional*

A mis hermanos:

*Rigoberto, Cecilia, Jorge, Celina, Lorena, Jesús Alberto e Ismael por ser más que mis hermanos mis amigos, brindarme su apoyo y amor siempre*

# INDICE

1. INTRODUCCIÓN ..... 1
2. ANTECEDENTES ..... 4
3. MATERIALES Y MÉTODOS ..... 6
   3.1. Muestreo taxonómico ..... 6
   3.2. Secuenciación del ADN ..... 7
   3.3. Diseño de sondas ..... 7
   3.4. Ensamble de genes y mapeo de referencia en Geneious ..... 7
   3.5. Análisis filogenético de las matrices de datos de secuencias concatenadas en Geneious ..... 8
   3.6. Análisis en HybPhyloMarker ..... 9
4. RESULTADOS ..... 13
5. DISCUSIÓN ..... 23
6. CONCLUSIÓN ..... 33
7. LITERATURA CITADA ..... 34
8. ANEXO ..... 45

## TABLAS

Tabla 1. Secciones y especies muestreadas, en paréntesis se muestra el número de especies de cada sección y el número de especies muestreadas. Las especies marcadas con + han sido evaluadas en los estudios mostrados en la parte superior de la tabla. ..... 46
Tabla 2. Genes utilizados para las sondas enriquecidas en base al genoma de Arabidopsis thaliana (L.) Heynh., para el ensamble y mapeo en Geneious de las matrices I a IV. Nomenclatura del gen, AT=Arabidopsis thaliana, número=número de cromosoma, G+número = gen. ..... 63
Tabla 3. Resumen estadístico del ensamble en Geneious para el grupo externo, usando como referencia las sondas concatenadas, enriquecidas para el análisis. ..... 65
Tabla 4. Resumen estadístico del ensamble en Geneious para cada especie, usando como referencia a *Salvia patens* ..... 66
Tabla 5. Resumen estadístico del ensamble en Geneious para cada especie, usando como referencia a *Salvia splendens* ..... 67
Tabla 6. Resumen estadísticos de los genes utilizados para el árbol de especies de la matriz V con análisis de coalescencASTRAL. ..... 69
Tabla 7. Resumen estadísticos de los genes utilizados para el árbol de especies de la matriz VI con análisis de coalescencia en ASTRAL ..... 70

# FIGURAS

Figura 1. Árbol de verosimilitud máxima con RAxML con datos ensamblados en Geneious para el grupo externo, los nombres de los clados se adoptaron de Drew et al., 2012. Sobre las ramas se muestra el soporte bootstrap. ..... 17
Figura 2. Árbol Bayesiano del ensamble con *Salvia patens* de *Salvia* subgénero *Calosphace*, con *Salvia officinalis* como grupo externo; los nombres de los clados se adoptaron de Walker et al. 2004 y Jenks et al., 2013. En los nodos se muestra el soporte bootstrap. ..... 18
Figura 3. Árbol de verosimilitud máxima con RAxML del ensamble con *Salvia patens* de *Salvia* subgénero *Calosphace*, con *Salvia officinalis* como grupo externo; los nombres de los clados se adoptaron de Walker et al. 2004 y Jenks et al., 2013. En los nodos se muestra el soporte bootstrap. ..... 19
Figura 4. Árbol de verosimilitud máxima con RAxML del ensamble con *Salvia splendens* de *Salvia* subgénero *Calosphace* con *Salvia officinalis* como grupo externo; los nombres de los clados se adoptaron de Walker et al. 2004, Jenks et al., 2013. En los nodos se muestra el soporte bootstrap. ..... 20
Figura 5. Árbol de especies con el método de coalescencia en ASTRAL con 64 genes y 90 muestras; en el pipeline HybPhyloMarker, utilizando a *Hyptis mutabilis* como grupo externo. Sobre las ramas se muestra la probabilidad posterior local (PPL). ..... 21
Figura 6. Árbol de especies con el método de coalescencia en ASTRAL con 69 genes y 80 muestras, en el pipeline HybPhyloMarker, para Calosphace, utilizando a *Salvia officinalis* como grupo externo. Sobre las ramas se muestra la probabilidad posterior local (PPL). ..... 22

## RESUMEN

*Calosphace* es el subgénero de *Salvia* más diverso en América, con *ca.* 600 especies. Las propuestas filogenéticas con datos obtenidos con secuenciación Sanger ha resuelto parcialmente las relaciones a nivel de especie; donde existen grandes politomías. En este estudio, se utilizó el protocolo para la obtención de secuencias Hyb-seq. Se incluyeron 10 muestras con géneros externos cercanos a *Salvia* y 71 especies de *Calosphace*, clasificadas en 32 secciones *sensu* Epling. 10 especies incluidas por primera vez en filogenias y dos especies del subgénero *Audibertia*. Se diseñaron 2,649 sondas pareadas con base en 23 transcriptomas de Lamiaceae, incluyendo a *Salvia officinalis* y *Salvia splendens*, anotados en referencia al genoma de *Arabidopsis thaliana*. Se realizaron análisis Bayesianos y de verosimilitud máxima con dos metodologías principales, secuencias concatenadas ensambladas en el programa Geneious y de coalescencia en el pipeline *HybPhyloMarker*. Los árboles obtenidos con los diferentes análisis mostraron altos valores de soporte boostrap y probabilidad posterior local. Se confirman las relaciones basales en el subg. *Calosphace*, secciones monofiléticas y complejos de especies; *Audibertia* hermano de *Calosphace*, *Salvia axillaris* como especie basal, seguida de los clados "*Hastatae*" y "*Uliginosae*"; se recuperaron del "core *Calosphace*", los clados "*Fulgentes*" y "*Sigmoideae*" y se obtuvieron clados nuevos "*Angulatae*/*Potiles*", "*Biflorae*/*Uricae*" y "*Curtiflorae*". Se obtuvieron seis secciones monofiléticas con más de una muestra; *Biflorae, Cardinales, Curtiflorae*, *Incarnatae, Lavanduloideae* y *Uricae,* asi como dos clados con complejos de especies, el "clado complejo *Scorodoniae*" (incluyendo las secciones, *Scorodoniae*, *Atratae*, *Mitratae, Dusenostachys* y *Nobiles*) y el "clado complejo *Polystachyae*" (secciones, *Angulatae*, *Iodanthae*, *Polystachyae*, *Purpurea y Scorodoniae*). El uso de secuenciación masiva en paralelo es una buena herramienta para la obtención de gran cantidad de datos; con los que se pueden resolver relaciones complejas y proveer de genes candidatos para estudios futuros en *Salvia,* aunque se reconoce que algunas de las relaciones con este muestreo pueden modificarse al incluirse más taxa.



**Palabras clave:** SMP, Hyb-seq, Coalescencia, Filogenia, Genes

## ABSTRACT

The subgenus *Calosphace* is the most diverse subgenus of *Salvia* in the Americas, with ca. 600 species. Phylogenetic hypotheses obtained through traditional Sanger sequencing have resolved deep relationships in the genus but lacked in resolving the species relationships in terminal branches, where large polytomies have been obtained and low branch support in prevalent. Here I use the next generation sequencing technique Hyb-seq for a set of 10 species of other Lamiaceae genera as outgroups and 71 species of subg. *Calosphace*. The latter are classified in 32 sections *sensu* Epling, 10 of which are here evaluated for the first time. Two species from the sister subgenus *Audibertia* was also sampled. 2,649 baits were designed from 23 Lamiaceae transcriptomes, including *Salvia officinalis* and *Salvia splendens*. These were annotated to the *Arabidopsis thaliana* genome. Bayesian and Maximum Likelihood analyses were employed in two data sets, one with the concatenated sequences of the consensus sequence for each species and a second analysis in a coalescent evolutionary framework in the HybPhyloMaker pipeline. The trees obtained have high bootstrap support and high local posterior probability. Deep relationships coincide with previous studies. Subgenus *Audibertia* comes out as sister to subg. *Calosphace*, and *Salvia axillaris* is basal to all *Calosphace*, followed by the clades "*Hastatae*" and "*Uliginosae*", as well as the "core *Calosphace*" with its clades "*Fulgentes*" and "*Sigmoideae*". Novel relationships are also reported in a "*Angulatae*/*Potiles* clade" and "*Curtiflorae* clade". Monophyletic sections, were more than one species was sampled include *Biflorae, Cardinales, Curtiflorae, Incarnatae, Lavanduloideae*, *Uricae,* and two species/sections complexes "*Scorodoniae*" (including species in *Scorodoniae*, *Atratae*, *Mitratae*, *Dusenostachys* and *Nobiles*) and "*Polystachyae*" (with species from *Angulatae*, *Iodanthae*, *Polystachyae*, *Purpurea y Scorodoniae*). Although I acknowledge that some relationships may change if more taxa are included, next generation sequencing is a good tool to better resolve species relationships in *Salvia* and will provide candidate genes for future studies.



Key words: NGS, Hyb-seq, Coalescent, Phylogeny, Genes

# 1. INTRODUCCIÓN

El género *Salvia* L. (Lamiaceae; subfamilia Nepetoideae, tribu Mentheae) es un género muy diverso, con *ca*. 1,000 especies (Walker et al., 2004) a nivel mundial; en México varias de las especies son de importancia medicinal tradicional y ritual (Jenks et al., 2011, Jenks et al., 2013). Las salvias se distinguen del resto de las Mentheae, por presentar un sistema estaminal con dos estambres modificados en forma de palanca, importante en el proceso de polinización y que podría haber influido en la radiación adaptativa y especiación del género (Claßen-Bockhoff et al., 2004; Wester y Claßen-Bockhoff, 2011). Este mecanismo estaminal ha surgido en tres ocasiones, en su historia filogenética (Walker y Sytsma, 2007).

El árbol filogenético de *Salvia sensu lato*, con marcadores de cloroplasto (*rbc*L, *trn*L-F, *psb*A-*trn*H) y núcleo (ITS), lo muestra parafilético por la inclusión de cinco géneros; *Perovskia* Kar., *Zhumeria* Rech. f. & Wendelbo, *Rosmarinus* L., *Dorystaechas* Boiss. & Heldr. ex Benth. y *Meriadra* Benth. (Walker et al., 2004; Walker et al., 2006, Walker y Sytsma, 2007). Por su amplia variación morfológica, *Salvia* se clasifica en cinco subgéneros: *Salvia*, *Audibertia* J. B. Walker, B. T. Drew, & K. J. Sytsma, *Calosphace* (Benth) Epling., *Leonia* La Llave & Lex. y *Sclarea* Mill. En México se encuentran especies principalmente de los subgéneros hermanos *Calosphace* y *Audibertia*, ambos monofiléticos (Walker et al., 2004; Walker y Sytsma, 2007). El subgénero *Audibertia*, de origen Californiano contiene dos secciones y 19 especies, de las cuales dos (*Salvia californica* Brandegee y *S. chionopeplica* Epling) se encuentran restringidas a Baja California, México (Walker et al., 2015). El subgénero *Calosphace* se encuentra ampliamente distribuido en América y es el subgénero más importante de *Salvia* por incluir el mayor número de especies, *ca.* 600 (Fragoso-Martínez, et al., 2017); 275 de ellas se encuentran en México y 232 son endémicas (Martínez-Gordillo et al., 2013; Martínez-Gordillo et al., 2017), siendo este país el principal centro de distribución y endemismo (Walker et al., 2004; Walker et al., 2006; Jenks et al., 2013).

El tratamiento más completo para subg. *Calosphace* fue publicado por Epling (1939), contaba con 480 especies clasificadas en 91 secciones; en tratamientos posteriores se incrementó el número de secciones a 106 y más de 500 especies (Epling, 1939, 1940, 1941,

1951 y Epling y Mathias, 1957), tomando en cuenta caracteres morfológicos, vegetativos, florales y de distribución. Desde los trabajos de Epling se han descrito muchas otras especies y hoy en día se calculan aproximadamente 600 en el subgénero. En años recientes con el esfuerzo de varios botánicos se han estudiado las secciones *sensu* Epling con base en morfología, morfometría y recientemente con estudios de ADN; entre ellas *Angulatae* (Alonso, 2003)*, Purpureae* (Alonso, 2003)*, Flocculosae* (Turner, 2013), *Standleyana* (Turner, 2011), *Farinaceae* (Turner, 2008), *Lavanduloideae* (Fragoso-Martínez, 2014), *Membranaceae* (González-Gallegos, 2014), *Scorodoniae* (Turner, 2009; Olvera-Mendoza et al., 2017)*, Polystachyae*, *Iodanthae* y *Purpureae* de México y Centroamérica (Bedolla-García et al., 2012) y *Uricae* (Olvera-Mendoza et al., 2017).

Los análisis anteriores realizados en el subg. *Calosphace* se basaron en fragmentos de ADN nuclear y de cloroplasto de menos de 1,000 pb obtenidos mediante secuenciación Sanger (Sanger et al., 1977), han resuelto parcialmente la filogenia; principalmente para las especies basales, pero han carecido de soporte en la mayoría de los clados de las ramas terminales, con politomías y/o bajo soporte en las ramas (Walker y Sytsma, 2007; Jenks et al., 2013; Fragoso-Martínez, et al., 2017), siendo necesario un análisis que proporcione mejor resolución de las relaciones filogenéticas de parentesco a nivel de especie. La evidencia molecular a la fecha se ha basado en los marcadores de cloroplasto *rbc*L, *psb*A–*trn*H, *trn*L–*trn*F, *ycf*1–*rps*15 y núcleo ITS y ETS (Walker y Sytsma, 2007; Jenks et al., 2013; Fragoso-Martínez et al., 2017; Hu et al., 2018). Estas son regiones tradicionalmente utilizadas para resolver relaciones entre especies de radiación reciente (Moore et al., 2010), aunque no han provisto suficiente información para resolver varios clados, resultando en politomías principalmente de las ramas terminales.

En las últimas décadas la tecnología y avances moleculares han posibilitado la secuenciación de genomas completos (Gardner et al., 2016), a través de Secuenciación Masiva en Paralelo (SMP) (Godden et al., 2012; Straub et al., 2012). En *Salvia* subg. *Calosphace* se ha implementado la SMP con un muestreo de 12 especies con el protocolo de obtención masiva de datos de enriquecimiento hibrido anclado (*Anchored Hybrid Enrichment*), mejorando el soporte en las ramas y la resolución (Fragoso-Martínez et al.,

2017); así como un estudio del genoma de cloropasto con 15 especies de las secciones *Scorodoniae* y *Uricae* con Hyb-Seq (Olvera-Mendoza et al. en prep. ).

En este estudio se utiliza el protocolo de obtención masiva de datos de enriquecimiento dirigido o Hyb-Seq (*Target Enrichment*) de núcleo; con la cual se secuenciaron miles de loci nucleares a través de hibridación genómica en una sola corrida, enfocados a análisis filogenéticos (De Smet et al., 2013; Weitemier et al., 2014). Se compara el soporte bootstrap y de probabilidad posterior local de las ramas de los árboles obtenidos con análisis coalescentes y concatenados, así como las topologías de los árboles resultantes.

## 2. ANTECEDENTES

En algunos géneros de radiación reciente, tan grandes y diversos como *Salvia* y en los que la secuenciación tradicional Sanger (Sanger et al., 1977) ha logrado resolver solo las relaciones basales del árbol, mostrando grandes politomías en las ramas terminales. Una de las propuestas que se ha implementado es la utilización de Secuenciación Masiva en Paralelo, la cual surgió a raíz del proyecto Genoma Humano, iniciado en la década de 1980 y terminado en 2003 (Hood y Rowen, 2013), el cual impulsó el desarrollo de tecnologías más eficaces en el mapeo y secuenciación de ADN. Estas tecnologías de secuenciación se comenzaron a implementar en organismos modelo, con genomas pequeños y fáciles de manipular; como la mosca de la fruta *Drosophila melanogaster* Meigen (Crosby et al., 2015) y la planta *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. (Feldmann y Goff, 2014) cuyos genomas se encuentran totalmente anotados y mapeados. Posteriormente se implementó en especies de importancia comercial y económica como el trigo (Berkman et al., 2012), papa (Potato y Sequencing, 2011), jitomate (Sato et al., 2012), arroz (Ouyang et al., 2007), por mencionar algunos. Recientemente en plantas no modelo para estudios específicos (Gasc et al., 2016; Lemmon y Lemmon, 2013) como *Asclepias syriaca* L. (Straub et al., 2011), *Salvia splendens* Sellow ex Schult. (Ge et al., 2014)*, Quercus lobata* Née (Gugger et al., 2017). Las técnicas de SMP pueden obtener más pares de bases (kilobases) en corto tiempo, e inclusive genomas completos en una sola corrida, aumentando considerablemente el avance en el conocimiento de las ciencias biológicas y de manera importante en la sistemática molecular de plantas (Straub et al., 2011; Straub et al., 2012). Esto permite el planteamiento y la resolución de nuevas preguntas de investigación en este campo (Egan et al., 2012).

Los protocolos de obtención masiva de datos son variadas, dependiendo del enfoque del estudio, algunos de los más utilizados han sido Secuenciación de transcriptomas (RNA-seq) (Strickler et al., 2012), Secuenciación de amplicones dirigida (TAS), reacción múltiple en cadena de la polimerasa (PCR Mutiplex), reacción en cadena de la polimerasa masiva en paralelo (PCR Uniplex) (Lemmon y Lemmon, 2013), Enriquecimiento Hibrido Anclado (AHE) (Lemmon et al., 2012; Bogarín et al., 2018) y Enriquecimiento Dirigido (Weitemier et al., 2014). Tanto el Enriquecimiento Hibrido Anclado como el Enriquecimiento Dirigido, son de

los más utilizados en plantas, para resolver relaciones entre linajes por ejemplo en el orden Zingiberales (Carlsen et al., 2018), tribu Polygonateae (Asparagaceae) (Floden y Schilling, 2018), especies de los géneros *Tilia* L. (Malvaceae) (Cai et al., 2015), *Asclepias* L. (Apocynaceae) (Weitemier et al., 2014), *Euphorbia* L. (Euphorbiaceae) (Villaverde et al., 2018) y una prueba piloto en *Salvia* L. (Fragoso-Martínez et al., 2017).

Una de las cuestiones que ha generado controversia con la SMP, ha sido el análisis de los datos, dado que las metodologías tradicionales como el cladismo, se han visto superados y deficientes en el manejo de datos masivos, al ser bases de datos de miles de pares de bases hasta gigabytes (GB) de información. Las metodologías tradicionales para los análisis filogenéticos han debido adecuarse a dos metodologías diferentes, las cuales se han implementado para generación de alineamientos y su posterior inferencia filogenética. La más frecuente es la de manejar los datos en análisis de secuencias concatenadas, en particular en grupos de radicación reciente (Moore et al., 2010), en un marco coalescente (Mirarab et al., 2016). Ambas metodologías han sido discutidas en diversos estudios y desde diferentes enfoques, tales como, el rendimiento de los métodos coalescentes (Xi et al., 2014), implementación y revisión de modelos de colescencia multiple, asi como de concatenación y sorteo incompleto de linajes (Edwards et al., 2016), concepto de especies y linajes desde diversos estudios como son coalescente, ecológico y evolutivo (Freudenstein et al., 2017), delimitación y estimación filogenética de especies, bajo coalescencia multiple (Jones, 2017); la resolución de las ramas del árbol de la vida abordada con secuencias concatenadas falla cuando hay sorteo incompleto de linajes, donde las especies no se han terminado de diferenciar genéticamente (Mendes y Hahn, 2018).

# 3. MATERIALES Y MÉTODOS

## 3.1. Muestreo taxonómico

Se incluyeron 90 muestras de Lamiaceae, de las cuales 75 muestras de 71 especies fueron del subg. *Calosphace sensu* Epling; se intentó abarcar variación morfológica y rango geográfico amplio de distribución incluyendo 32 de las 106 secciones reconocidas, 67 de México y cuatro de Centro y Sudamérica (*Salvia squalens* Kunth, *Salvia tubiflora* Sm., *Salvia pauciserrata* Benth. *y Salvia scutellarioides* Kunth); además se incluyen 10 especies evaluadas por primera vez en filogenias (*Salvia puberula* Fernald, *Salvia roscida* Fernald, *Salvia dichlamys* Epling, *Salvia brachyodonta* Briq., *Salvia decora* Epling, *Salvia perblanda* Epling, *Salvia purepecha* Bedolla, S. Lara Cabrera & Zamudio, *Salvia occidua* Epling, *Salvia dugesii* Fernald y *Salvia nepetoides* Kunth); dos especies con dos muestras (*Salvia polystachia* Ortega y *Salvia purpurea* Cav.) y una especie con tres muestras (*Salvia hispanica* L.).

Para enraizar los árboles se incluyeron cuatro grupos externos, dos de subgéneros hermanos al subg. *Calospahce,* que también se encuentran dentro de *Salvia* y dos grupos lejanos, incluyendo especies de otros géneros de Lamiaceae. El primer grupo externo cercano incluyó dos especies del subgénero *Audibertia* sección *Audibertia* (*Salvia brandegeei* Munz y *Salvia sonomensis* Greene). El segundo grupo interno cercano incluyó tres especies de los subgéneros *Salvia* y *Leonia*; dos especies de la sección *Salvia* (subg. *Salvia*)*;* una especie del mediterráneo (*Salvia officinalis* L.) y otra de Madagascar (*Salvia sessilifolia* A. Gray ex S. Watson) y una especie de la sección *Salviastrum* (subg. *Leonia*) del norte de México y Estados Unidos (*Salvia texana* (Scheele) Torr.). El tercer grupo externo lejano, incluyó nueve especies de ocho géneros de la tribu Mentheae donde se encuentra el género *Salvia; Agastache pallidiflora* subsp.*neomexicana* (Briq.) Lint & Epling, *Dracocephalum parviflorum* Nutt., *Hedeoma drummondii* Benth., *Lepechinia hastata* (A. Gray) Epling, *Lepechinia sp., Lycopus americanus* Muhl., *Melissa officinalis* L., *Poliomintha incana* (Torr.) A. Gray y *Prunella vulgaris* L.). Por último se incluyó un cuarto grupo externo lejano, con una especies de la tribu Ocimeae *Hyptis mutabilis* (Rich.) Briq., la cual es una tribu hermana a Mentheae (Li et al., 2016) (Anexo 1. Tabla 1). Para mejorar el

entendimiento de los datos para cada análisis, estos se dividieron en matrices con número romanos de I al VI, las cuales se explicarán a continuación.

### 3.2. Secuenciación del ADN

El ADN se extrajo de tejido seco en silica gel y de ejemplares de herbario, con la técnica de CTAB (Doyle y Doyle 1987). El ADN se cuantificó y diluyó a una concentración de 20 ng / µl utilizando un fluorómetro Qubit 2.0 (Thermo Fisher Scientific Inc., Waltham, MA) y se transfirieron 60 µl de solución de ADN de cada muestra a una placa de 96 pocillos. Los ADN se enviaron a Rapid Genomics (Gainesville, FL) para la preparación de la biblioteca, el enriquecimiento híbrido de loci nucleares y la secuenciación del extremo pareado (2 × 150 pb) en el instrumento Illumina® HiSeq 2500.

### 3.3. Diseño de sondas

Las 90 muestras fueron procesadas con el protocolo de obtención masiva de datos Hyb-Seq (Cronn et al., 2012; Weitemier et al., 2014). Se seleccionaron marcadores moleculares de 23 transcriptomas de Lamiaceae descargados de la base de datos 1,000Plants (sites.google.com/a/ualberta.ca/onekp/subprojects/angiosperms), entre estos el transcriptoma de *Salvia officinalis* L. de onekp y se descargó de la base de datos del Genbank [Taxonomy ID: 180675] (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/422035) el de *Salvia splendens* Sellow ex Schult. (Ge et al., 2014). Con el programa MarkerMiner 1.0 (Chamala et al., 2015), se localizaron los loci nucleares de una copia; siguiendo la propuesta de De Smet et al. (2013), posteriormente se diseñaron sondas con el método de captura y enriquecimiento (*Target Capture and Enrichment*); se diseñaron 2,649 sondas pareadas a partir de las cuales se construyeron las bibliotecas de datos con la tecnología TruSeq en la compañía Mybaits. Las muestras se procesaron con las sondas en un equipo de la compañía Illumina® (HiSeq 2500 con PE 2 x 150pb).

### 3.4. Ensamble de genes y mapeo de referencia en Geneious

Las lecturas obtenidas del proceso de secuenciación fueron depuradas inicialmente eliminando los adaptadores con el programa Cutadapt (Martin, 2011), para eliminar los

adaptadores de las secuencias y evitar datos contaminados y errores en las secuencias finales (Martin, 2011). Utilizando al final los *contigs* pareados de lado a lado (*pair-ended*).

Se realizaron dos análisis de mapeo a referencia en Geneious versión 11.1.4 (Ripma et al., 2014); en el primero se concatenaron las secuencias de las sondas enriquecidas para 54 genes y se anotaron en referencia *Arabidopsis thalina* (L.) Heynh (Feldmann y Goff, 2014), en http://www.arabidopsis.org, por ser el genoma de dicotiledónea mejor anotado.

Las secuencias de las sondas se concatenaron en Geneious y se utilizaron como referencia para ensamblar los *contis* de las especies de los grupos externos y las especies *S. patens* y *S. splendens*. Las bases de datos con los alineamientos se nombraron como matrices con números romanos del I al VI. La matriz I fue el alineamiento con las especies de los grupos externos lejanos tres y cuatro con los nueve géneros de Lamiaceae y el grupo externo cercano dos con los subgéneros *Salvia* y *Leonia*. En el segundo análisis se utilizaron las sondas concatenadas como referencia para ensamblar por separado los genomas de *Salvia patens* Cav. y de *S. splendens* para posteriormente utilizarlos como referencia para ensamblar las muestras de *Calosphace* y las de los grupos externos cercanos uno y dos; incluyendo 78 muestras de *Salvia* para cada análisis, uno por cada referencia; excepto una de las muestras de *Salvia hispanica* L. (codificada como *Salvia hispanica*19) y *Salvia rhyacophila* (Fernald) Epling). Una vez ensamblada cada especie, se extrajo la secuencia consenso y se utilizó a *Salvia officinalis* para enraizar los árboles, ya que esta especie pertenece a un subgénero hermano de *Calosphace*. De los datos del ensamble con *S. patens* se obtuvieron las matrices II y III, mientras que del ensamble con *S. splendens* se obtuvo la matriz IV. El ensamble en Geneious se realizó con los siguientes parámetros; mapper con la opción Geneious, Sensitivity con Medium/Low Sensitivity/Fast, Fine Tuning con Iterate up to 5 times.

### 3.5. Análisis filogenético de las matrices de datos de secuencias concatenadas en Geneious

Las cuatro matrices de datos con las secuencias consenso, se subieron en formato .fasta a la plataforma CIPRES Science gateway v 3.3 (Miller et al., 2010), para realizar el alineamiento con MAFFT en XSEDE (Katoh et al., 2017), posteriormente se llevó a cabo el

análisis de verosimilitud máxima con RAxML (Randomized Axelerated Maximum Likelihood por sus siglas en inglés) (Stamatakis, 2014) para la matriz I, los grupos externos lejanos tres y cuatro y el grupo externo cercano dos. Este análisis tuvo como finalidad obtener un árbol de las relaciones dentro de los subgéneros muestreados de las tribus Mentheae y Ocimeae. Para la matriz II, se realizó el análisis Bayesiano en MrBayes en XSEDE (Ronquist y Huelsenbeck, 2003) y para la matriz III el análisis de verosimilitud máxima en RAxML en esta misma plataforma. El análisis bayesiano para la matriz IV, no fue posible analizar en la plataforma de Cipres porque el alineamiento era demasiado largo, pero se realizó en el análisis de verosimilitud máxima en RAxML en el servidor de la Universidad de Florida, EUA (con ayuda del Dr. Grant T. Godden). La finalidad de estos análisis fue obtener el árbol filogenético del grupo interno y se utilizaron los grupos externos cercanos dos y tres para darle más soporte al grupo interno.

### 3.6. Análisis en HybPhyloMarker

En el segundo análisis se llevó a cabo en el servidor de la Universidad de Riverside, California USA. Se realizó desde el mapeo de los *contigs* por muestra, hasta los árboles de especies en *HybPhyloMarker* versión 1.6.4 (Fér y Schmickl, 2018) en un marco coalescente; *HybPhyloMarker* es un *pipeline* bioinformático específico para datos obtenidos con Hyb-Seq, el cual automatiza la depuración y filtrado de genes, hasta obtener un árbol de coalescencia de especies, a continuación se detalla este análisis.

Para las Matrices V y VI se realizó el ensamble y alineamiento de los datos obtenidos de Illumina® y las sondas enriquecidas; la matriz V con las 90 muestras, el género *Salvia* más los nueve géneros de Lamiacae y la matriz VI con las 80 muestras de *Salvia* incluyendo solo los dos grupos externos cercanos. Separado los datos en estas dos matrices se quiso evaluar el impacto del grupo externo en la topología de los árboles de especies. Estas dos matrices se corrieron en el *pipeline* bioinformático *HybPhyloMarker* versión 1.6.4 (Fér y Schmickl, 2018), en el cual a partir de diferentes *scripts* se automatiza el procesado de los datos con la eliminación de los adaptadores de secuencias hasta obtener árboles de especies con el método basado en coalescencia, en el programa ASTRAL versión 5.6.1

(Mirarab et al., 2014). Una de las virtudes de este *pipeline* es el uso de coalescencia donde se hace un árbol de especies a partir de los diferentes árboles de genes obtenidos con FastTree (Price et al., 2010) y donde las relaciones mejor soportadas para cada gen, son las que se toman en cuentan para la construcción del árbol final.

En *HybPhyloMarker* se utilizaron dos tipos de archivos de entrada para correr el análisis; (1) Datos pareados obtenidos con Illumina®, dos archivos FASTQ comprimidos en gzip por especie y (2) Secuencias de las sondas que se utilizaron para el enriquecimiento objetivo, en formato FASTA. Con estos datos iniciales, se siguieron los *scripts* que implican la utilización de varios programas bioinformáticos como MAFFT (Katoh et al., 2017), ASTRAL (Mirarab et al., 2014), FastTree (Price et al., 2010), RAxML (Stamatakis, 2014) entre otros; con diferentes parámetros establecidos y recomendados para procesar cada lectura por especie y por genes.

Las lecturas se prepararon manualmente en archivos comprimidos en gzip para su uso en HybPhyloMaker. Posteriormente con el *script* 'HybPhyloMaker0b_preparereference.sh' se preparó una "pseudoreferencia" que incluía 174 genes; con base en las sondas concatenadas de especies de Lamiales, separadas cada una por cadenas de 400 Ns (nucleótidos ambiguos), para evitar errores de lecturas de los genes. Con el siguiente *script* 'HybPhyloMaker1_rawprocess.sh' se creó un índice de PhiX donde con el comando *bowtie2-build*, se eliminaron posibles remanentes de secuencias control PhiX y de adaptadores, las lecturas contaminadas que se pudieran encontrar, se mapearon a este índice en Bowtie2 (Langmead & Salzberg, 2012) y se removieron usando SAMtools (Li et al., 2009) y bam2fastq (https://gsl.hudsonalpha.org/information/software/ bam2fastq); también se eliminaron los adaptadores de las lecturas y se filtró por calidad con Trimmomatic (Bolger et al., 2014), por último se eliminaron las lecturas duplicadas con FastUniq (Xu et al. 2012). Las lecturas pareadas no duplicadas obtenidas del *script* anterior, se mapearon con 'HybPhyloMaker2_read_mapping.sh' a la "pseudoreferencia" con BWA (Li & Durbin, 2009), incluido en el *pipeline* y la secuencia consenso se obtuvo con la regla de mayoría, utilizando Kindel (https://github.com/bede/kindel), el cual es un programa que fue desarrollado para inferir consensos de alta diversidad en poblaciones.

Con ‘HybPhyloMaker3_generatepslx.sh’ se fragmentaron las secuencias consenso en partes exónicas o *contigs* y estos se parearon con las secuencias de la sonda utilizando BLAT (Kent, 2002), (https://genome.ucsc.edu/goldenpath/help/blatSpec.html), herramienta de alineamiento de datos genómicos.

Los archivos *pslx* generados con BLAT (Kent, 2002), se movieron a una nueva carpeta para posteriormente correr el *script* ‘HybPhyloMaker4a_processpslx.sh’ en el cual se construyeron alineaciones de secuencias múltiples exónicas utilizando el *script* de Python (https://www.python.org/) “assembled_exons_to_fastas.py” 2; se agregaron Ns para los exones faltantes en cada *contig* en particular, los exones se alinearon utilizando MAFFT y los exones del mismo gen se concatenaron utilizando el *script* de *Perl* "catfasta2phyml.pl" (https://github.com/nylander/catfasta2phyml).

La cantidad de datos faltantes por especies en cada alineamiento de genes se calcularon; las secuencias de una muestra con más de un cierto porcentaje de datos faltantes por gen se eliminaron de la alineación y se construyeron los árboles con el *script* ‘HybPhyloMaker5_missingdataremoval.sh’ utilizando AMAS (Borowiec, 2016), MstatX (https://github.com/gcollet/MstatX) y trimAl versión 1.4 (Capella-Gutiérrez et al., 2009), para calcular estadísticas de resumen de las propiedades de cada alineamiento por locus. Se eligió la opción 70-75% de datos faltantes, que es una de las más usadas (Carlsen et al., 2018) y constituye un compromiso de perdida ganancia; solo se conservan los genes con un porcentaje de muestras por gen más alto que el especificado.

Se seleccionó el *script* ‘HybPhyloMaker6b_FastTree_for_selected.sh’ para obtener el árbol filogenético con FastTree versión 2.1.10 SSE3 (Price et al., 2010), esta opción calculó estadísticas de resumen de las propiedades de cada árbol filogenético como la desviación estándar de los datos y la media, entre otros (Anexo, Tablas 4 y 5), utilizando el *script* R “tree_props.R” y los paquetes R *ape* y *seqinr* (https://github.com/marekborowiec/metazoan_phylogenomics/blob/master/gene_stats.R)

Todos los árboles de genes se combinaron en un solo archivo con Newick con ‘HybPhyloMaker7_roottrees.sh’, enraizando los árboles con el grupo externo, para

posteriormente obtener el árbol de especies con el programa ASTRAL con el *script* 'HybPhyloMaker8a_astral.sh'.

# 4. RESULTADOS

Se obtuvieron filogenias con topologías similares con dos metodologías y conceptualizaciones; una con secuencias concatenadas ensambladas en base a una referencia en Geneious (Ripma et al., 2014) y análisis probabilísticos. La otra con análisis de coalescencia en el pipeline *HybPhyloMarker* (Fér y Schmickl, 2018). Los datos se dividieron en seis matrices principales para los diferentes análisis, los rangos en pb de los alineamientos a partir de los cuales se construyeron los árboles se muestran en la Tabla 1.

Tabla. 1. Análisis de datos con las diferentes particiones y rango en pb de los alineamientos a partir de los cuales se construyeron los árboles de las diferentes matrices.

| Número de matriz | Programa de ensamble | Secuencias | Análisis filogenético | Número de muestras | Rango de alineamiento (pb) | Número de genes |
|---|---|---|---|---|---|---|
| Matriz I | Geneious | Concatenadas | Verosimilitud máxima con RAxML | 13 | 99,544 | 54/54 |
| Matriz II | Geneious | Concatenadas | Bayesiano con MrBayes | 78 | 87,612 | 54/54 |
| Matriz III | Geneious | Concatenadas | Verosimilitud máxima con RAxML | 78 | 88,754 | 54/54 |
| Matriz IV | Geneious | Concatenadas | Verosimilitud máxima con RAxML | 78 | 140,414 | 54/54 |
| Matriz V | HybPhyloMarker | Por genes, marco coalescente | Verosimilitud máxima con FastTree | 90 | 1,892 – 148,529 | 64/173 |
| Matriz VI | HybPhyloMarker | Por genes, marco coalescente | Verosimilitud máxima con FastTree | 80 | 760 – 157,865 | 69/173 |

El árbol de verosimilitud máxima (matriz I, Figura 1), con los grupos externos lejanos cuatro (género *Hyptis*) y tres (ocho géneros de Lamiaceae) y el grupo cercano dos (subgéneros *Salvia* y *Leonia*); presenta soporte bootstrap (SB) mayor a 75% SB. Las tribus Ocimeae y Mentheae se dividen en tres clados principales: el clado I, la subtribu Ocimeae con el género *Hyptis*, el cual se utilizó para enraizar el árbol. Clado II, la subtribu Menthinae incluyendo los géneros *Hedeoma* y *Poliomintha* con alto soporte (100% SB) y las subtribus Nepetinae, Prunellinae y Lycopinae con los géneros A*gastache*, *Dracocephalum; Prunella* y *Lycopus*, soportada (93% SB) y el clado III, la subtribu Salviinae con *Lepechinia*, *Melissa* y *Salvia*, soportada con 100% SB.

Los árboles bayesiano (matriz II) y de verosimilitud máxima (matrices III a VI) (Figuras 2 a 6) incluyen las especies del subg. *Calosphace.* En estos árboles se obtuvieron clados con secciones monofiléticas y con complejos de secciones. Para facilitar la lectura y comprensión de los clados, se sigue la nomenclatura de los clados mejor soportados y más resueltos del estudio de Walker et al. (2004) y Jenks et al (2013). Los clados nuevos se nombraron con base en las secciones muestreadas con más de una especie en cada clado.

El "clado I" (*sensu* Walker et al., 2004) el grupo externo cercano dos, con las especies *Salvia* (subg. *Salvia*) *S. officinalis* y *S. sessilifolia* y (subg. *Leonia*) *S. texana*, (matrices II, III y IV), resultantes de los análisis con secuencias concatenadas, *S. sessilifolia* y *S. texana*, se ubican en un clado (100% SB) hermano a *S. officinalis*. En el análisis de coalescencia (matrices V y VI), la topología del clado I ubica a las tres especies en un mismo clado con 1.0 de probabilidad posterior local (PPL). El subg. *Audibertia* o "clado *Audibertia*" con dos especies evaluadas de las 19 que incluye este subgénero, se mantiene en un clado (100% SB) en los árboles con análisis concatenado y en los de coalescencia (1.0 PPL), se recupera como grupo hermano del subg. *Calosphace*.

El subg. *Calosphace*, se divide en clados con secciones monofiléticas y secciones sin definir; los clados basales del subgénero son 1) "clado *Hastatae*" incluye las secciones, *Hastatae, Blakea* y *Standleyana;* cercanamente emparentado a *S. axillaris* [*Axillares*]. Este clado muestra alto soporte (100% SB) en los árboles concatenados (matrices II, III y IV) y alto soporte (0.96 PPL y 0.99 PPL) en los árboles coalescentes (matrices V y VI). 2) El "clado

*Uliginosae*" incluye las secciones *Incarnatae*, *Cucullatae, Scorodoniae* y *Erythrostachys*, presenta alto soporte (100% SB) en los análisis concatenados (matrices II, III y IV), mientras que en los análisis de coalescencia la topología del clado es diferente; en uno de ellos (matriz V), presenta bajo soporte (0.61 PPL), pero en el otro (matriz VI) presenta alto soporte (1.0 PPL). Este clado es hermano del "clado *Hastatae*" en todos los árboles y uno de los clados basales del subg. *Calosphace*.

En el clado "core *Calosphace*" es el clado principal con la mayoría de especies, incluye secciones monofiléticas y complejo de especies; en él se encuentran los siguientes clados: 3) el "clado complejo *Scorodoniae*", incluye las secciones *Scorodoniae*, *Atratae*, *Mitratae, Dusenostachys* y *Nobiles*, este clado presenta soporte (100% SB) en los análisis concatenados (matrices II, III y IV) y soporte (1.0 PPL) en los análisis coalescentes (matrices V y VI). Las especies de estas secciones se mantienen en este clado con alto soporte en los diferentes análisis.

4) El "clado *Fulgentes*" incluye las secciones *Cardinales*, *Fulgentes* y *Flocculosae* con soporte (100% SB) en los análisis concatenados (matrices II, III y IV) y soporte (1.0 PPL) en los análisis de coalescencia (matrices V y VI). En este clado se encuentra como monofilética (1.0 PPL) la sección *Cardinales*, la cuales hermana de las secciones *Fulgentes* y *Flocculosae*.

5) El "clado *Biflorae*/*Uricae*" incluye las secciones *Biflorae*, *Brandegeia*, *Farinaceae*, *Secundae*, *Flexuosa y Uricae,* este clado presenta alto soporte (100% SB) en los análisis con secuencias concatenadas (matrices II, III y IV); así como alto soporte (0.99 y 1.0 PPL) en los análisis con coalescencia (matriz V y VI). En este clado se muestran dos secciones con dos especies; *Uricae* [*S. amarissima* y *S. urica*] y *Biflorae* [*S. tubiflora* y *S. squalens*], como monofiléticas al mantener altos valores de soporte en todos los árboles tanto de los análisis concatenados como coalescentes.

6) El "clado *Sigmoideae*" incluye las secciones *Sigmoideae* [*Salvia inconspicua* Bertol. y *S. nepetoides* Kunth] y *Scorodoniae* [*Salvia aequidistans* Fernald]. Este clado presenta soporte (100% SB, matrices II, III y IV) en los análisis concatenados y soporte (1.0 PPL, matrices V y VI) en los análisis coalescentes.

7) El “clado *Angulatae*/*Potiles*” incluye las secciones *Albolanatae*, *Angulatae*, *Briquetia*, *Farinaceae*, *Flocculosae*, *Polystachyae* y *Potiles*. Se recupera con alto soporte (100% SB) en los análisis con secuencias concatenadas (matrices II y III), así como alto soporte (94 % SB, matriz IV); mientras que en el análisis de coalescencia éste clado tiene un soporte muy bajo (0.44 PPL, matriz V y 0.49 PPL, matriz VI).

8) El “clado *Curtiflorae*” incluye las secciones *Maxonia* y *Purpureae* con soporte (98% SB, matriz II), (97% SB, matriz III) y (87% SB, matriz IV) en los análisis concatenados. En los análisis coalescentes (matrices V y VI), este clado se divide en dos, uno de estos agrupa solo a las especies de la sección *Curtiflorae* [*Salvia longistyla* Benth., *Salvia nervata* Martens & Galeotti y *S. curtiflora*], con soporte (0.71 PPL, matriz V) y soporte (0.62 PPL, matriz VI); mientras el otro clado incluye a *Salvia areolata* Epling [*Purpurea*] y *Salvia chiapensis* Fernald [*Maxonia*], en un clado hermano al “clado complejo *Polystachyae*” con soporte (0.91 PPL, matriz V) y soporte (0.89 PPL, matriz VI).

9) El “clado complejo *Polystachyae*” incluye las secciones *Angulatae*, *Iodanthae*, *Polystachyae, Purpurea* y *Scorodoniae*, presenta soporte (90% SB, matriz II), (97% SB, matriz III) y (98% SB, matriz IV) en los análisis concatenados y un soporte (0.91 PPL, matriz V) y (0.89 PPL, matriz VI) en los análisis coalescentes. Este clado se mantiene con alto soporte en todos los análisis.

Se recuperaron dos secciones monofiléticas para las que se muestrearon todas sus especies: sección *Incarnatae* [*Salvia elegans* Vahl y *S. cinnabarina* M. Martens & Galeotti] y sección *Uricae* [*S. urica* y *S. amarissima*]. También se recuperaron secciones como monofiléticas de las que se muestrearon dos o más especies; entre ellas, tres secciones con dos especies muestreadas; secciones *Lavanduloideae* [*S. lavanduloides* y *S. helianthemifolia*] y sección *Biflorae* [*S. squalens* y *S. tubiflora*]; una sección con tres especies, *Curtiflorae* [*S. nervata*, *S. longistyla* y *S. curtiflora*] y la sección *Cardinales* con cinco especies muestreadas de las nueve [*Salvia involucrata* Cav*., Salvia karwinskii* Benth., *S. puberula*, *S. univerticillata* Ramamoorthy ex Klitg. y S*. wagneriana*].

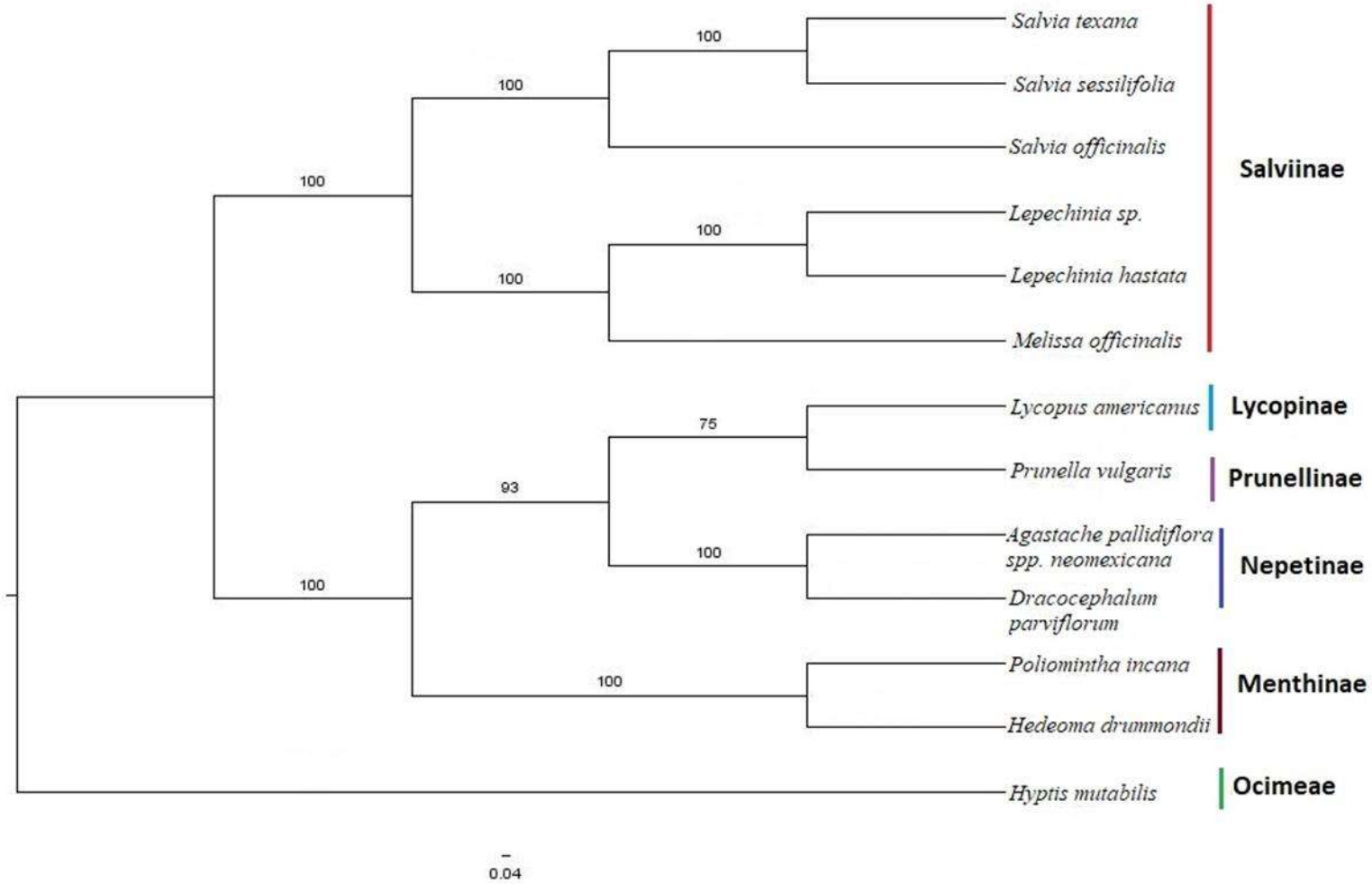


Figura 1. Árbol de verosimilitud máxima con RAxML de la matriz I, con datos ensamblados en Geneious para el grupo externo, los nombres de los clados se adoptaron de Drew et al., 2012. Sobre las ramas se muestra el soporte bootstrap.

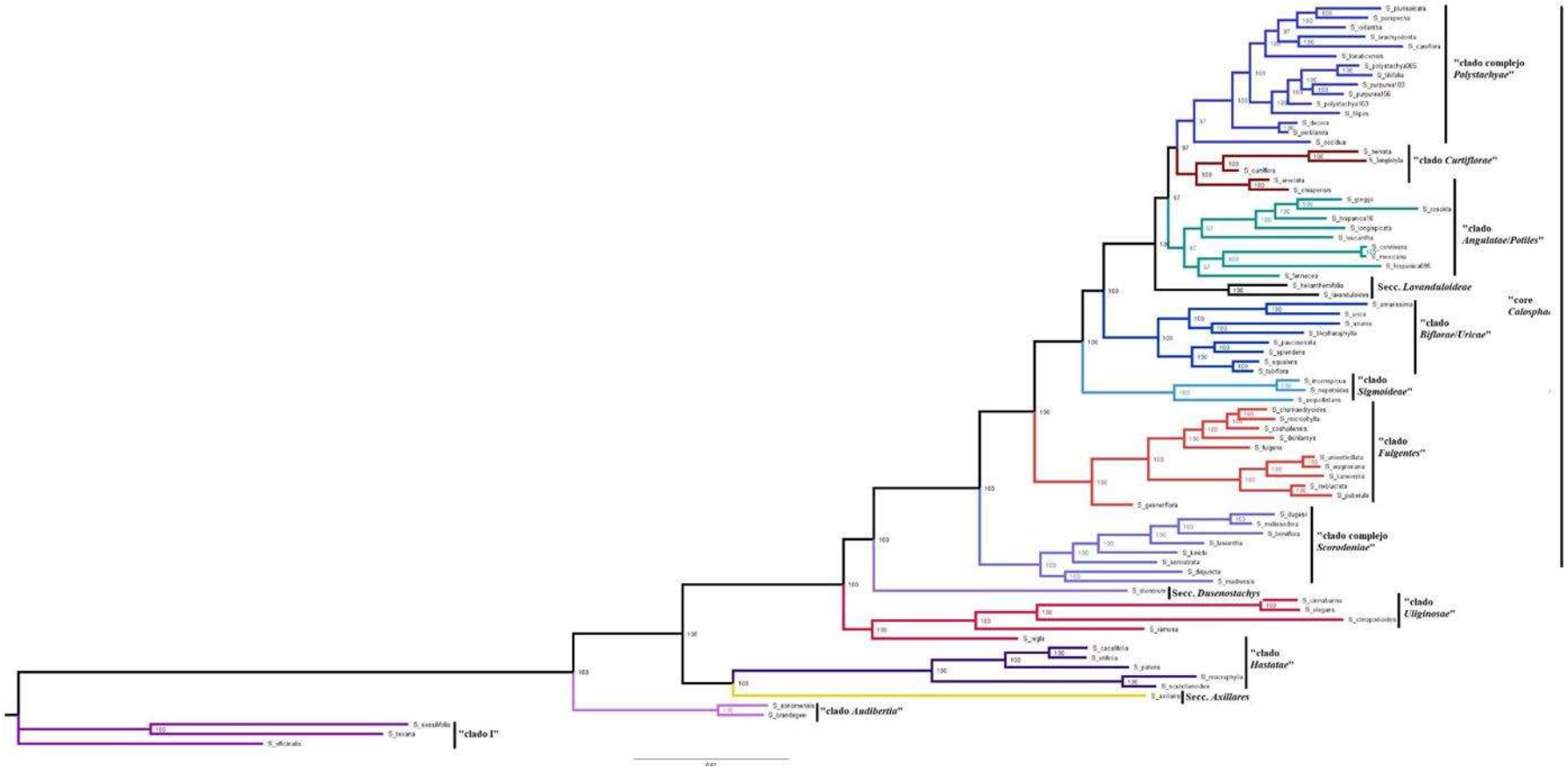


Figura 2. Árbol Bayesiano con MrBayes de la matriz II, ensamble con *Salvia patens* de *Salvia* subgénero *Calosphace*; los nombres de los clados se adoptaron de Walker et al. 2004 y Jenks et al., 2013. En los nodos se muestra el soporte bootstrap.

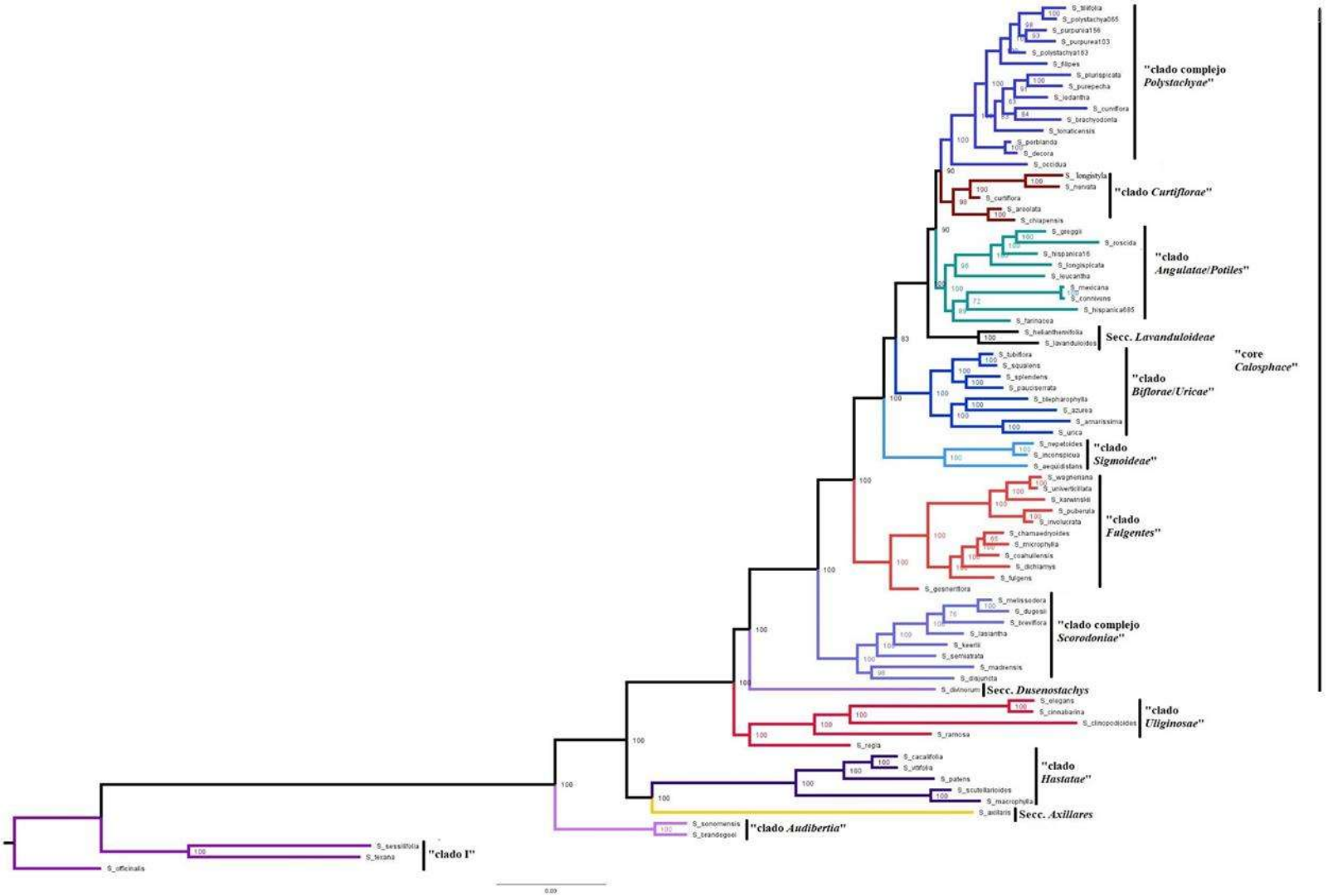


Figura 3. Árbol de verosimilitud máxima con RAxML de la matriz III, ensamble con *Salvia patens* de *Salvia* subgénero *Calosphace*; los nombres de los clados se adoptaron de Walker et al. 2004 y Jenks et al., 2013. En los nodos se muestra el soporte bootstrap.

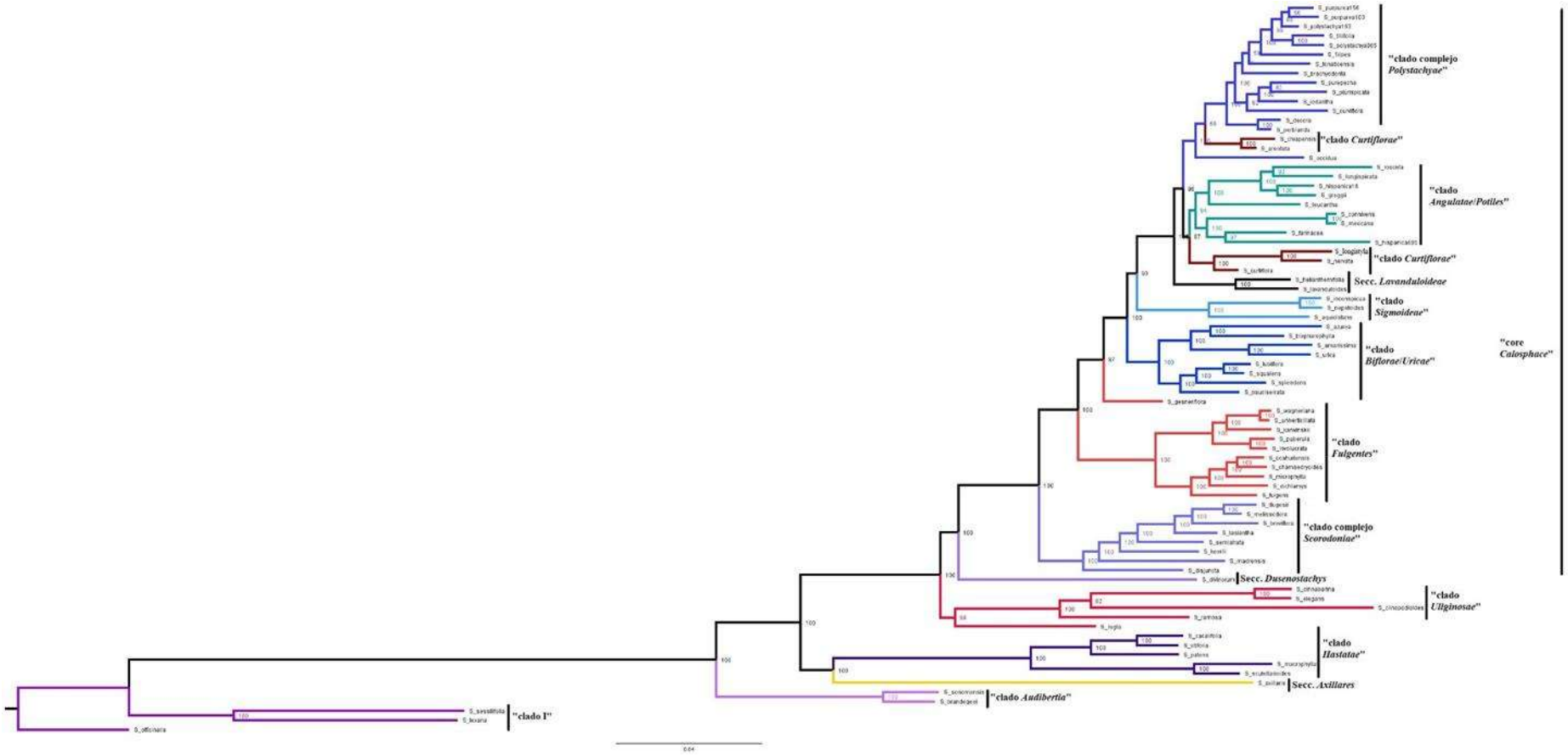


Figura 4. Árbol de verosimilitud máxima con RAxML de la matriz IV, ensamble con *Salvia splendens* de *Salvia* subgénero *Calosphace*; los nombres de los clados se adoptaron de Walker et al. 2004, Jenks et al., 2013. En los nodos se muestra el soporte bootstrap.

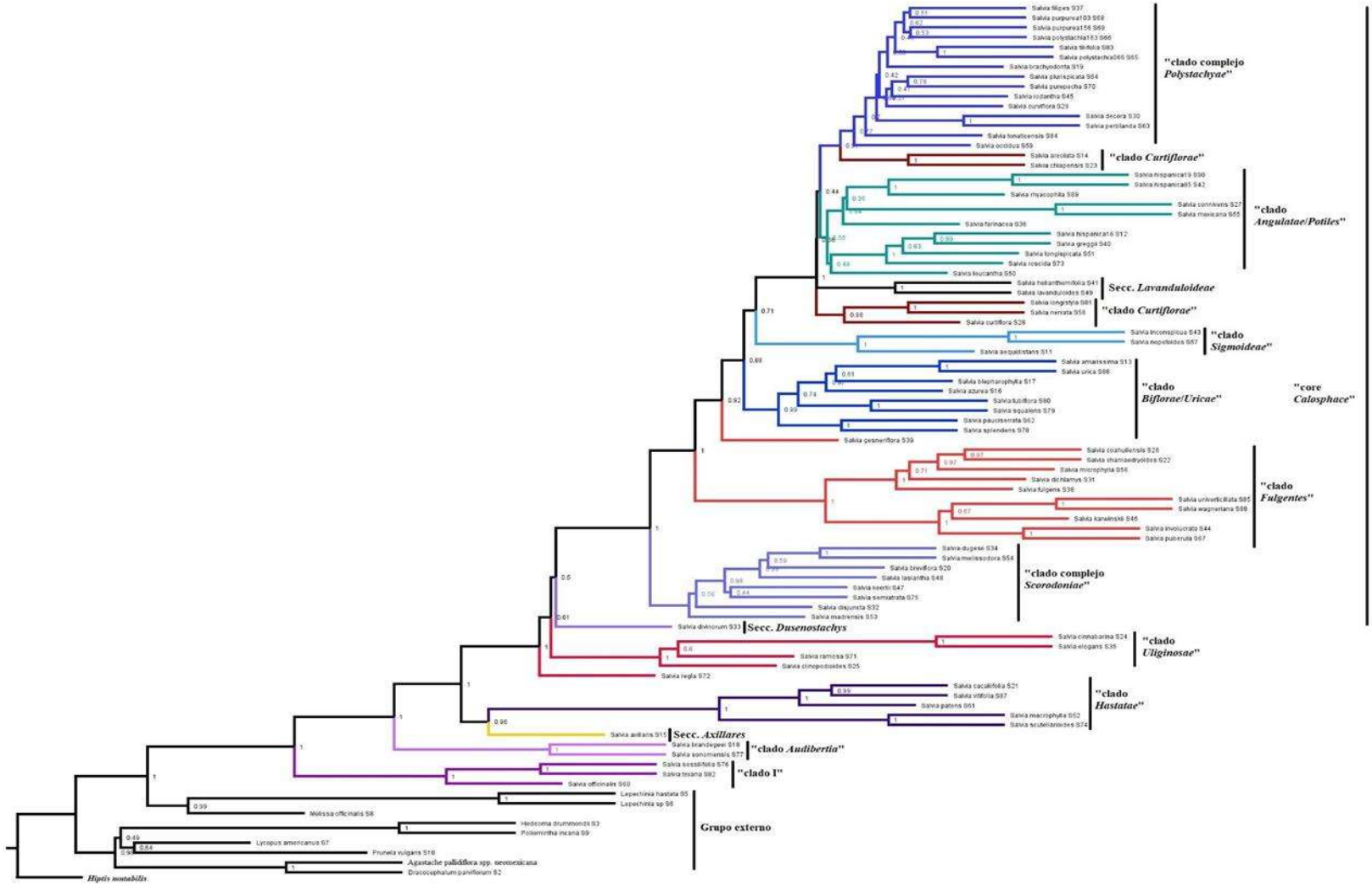


Figura 5. Árbol de especies con el método de coalescencia en ASTRAL con 64 genes y 90 muestras de la matriz V; en el pipeline HybPhyloMarker. Sobre las ramas se muestra la probabilidad posterior local (PPL).

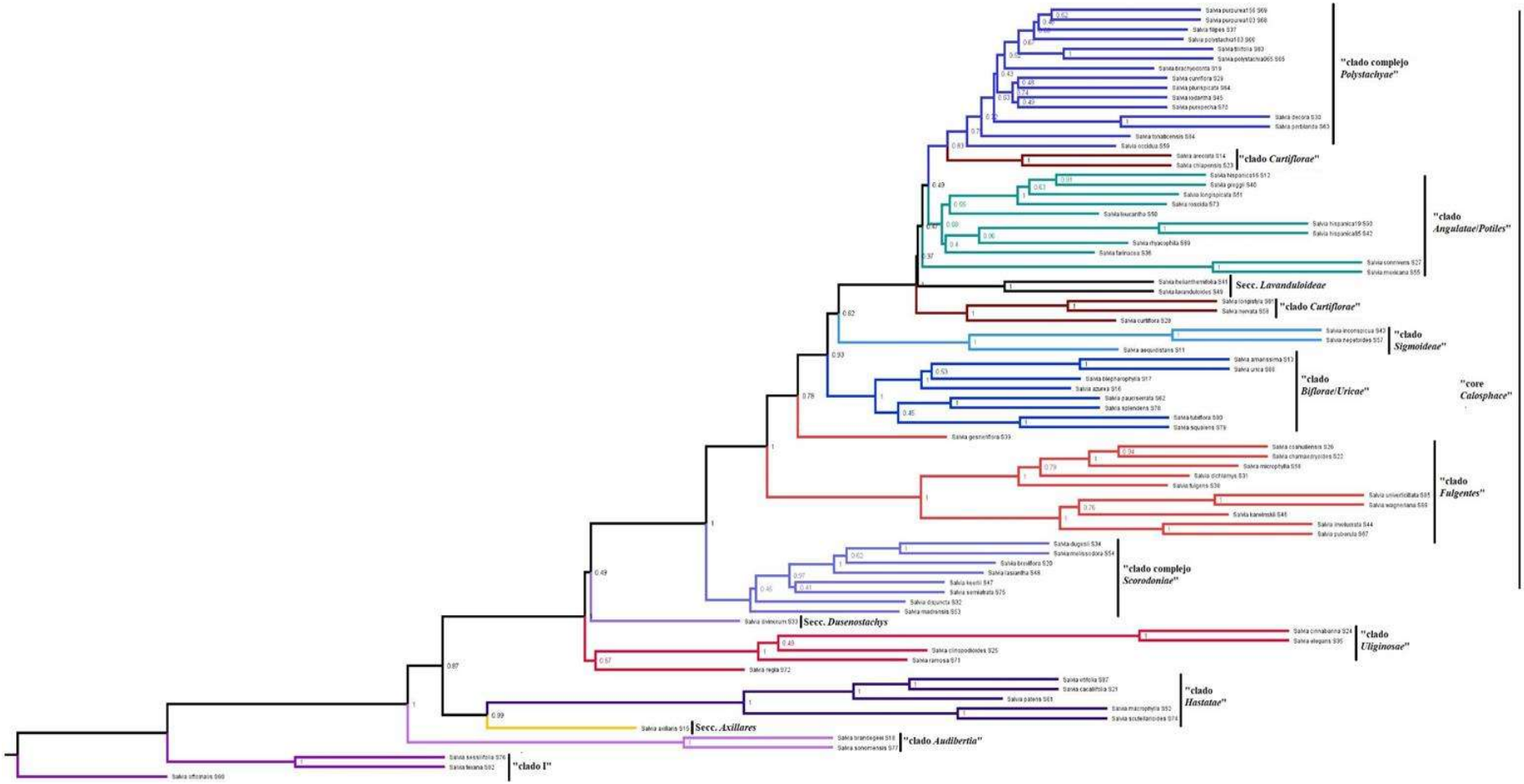


Figura 6. Árbol de especies con el método de coalescencia en ASTRAL con 69 genes y 80 muestras de la matriz VI, en el pipeline HybPhyloMarker, para *Calosphace*. Sobre las ramas se muestra la probabilidad posterior local (PPL).

# 5. DISCUSIÓN

En grupos de radiación reciente, los métodos de inferencia en un marco de coalescencia se han preferido sobre los datos con secuencias concatenadas y análisis probabilísticos (Jones et al., 2015). Recientemente, se ha demostrado que los análisis coalescentes suelen ser más robustos que los concatenados (Mendes y Hahn, 2018) al evaluar la heterogeneidad de los datos analizados (Xi et al., 2014); aplicando un modelo de evolución adecuado para la reconstrucción de cada árbol de genes, para después generar el árbol de especies. A diferencia de estos, los análisis de secuencias concatenadas, aplican un modelo de evolución para un solo árbol de especies. A pesar de que los enfoques son diferentes, en este estudio se obtuvieron hipótesis congruentes con ambas metodologías. Se mantuvieron los clados principales con altos valores de soporte, así como secciones monofiléticas y complejos de secciones, principalmente de dos secciones de las que incluyó un mayor muestreo en este análisis (*Polystachyae* y *Scorodoniae*).

Las especies de los grupos externos se muestrearon para dar soporte a las ramas internas del árbol, resultaron en una topología similar (matrices I y V, Figuras 1 y 5); coinciden en las relaciones propuestas por Drew y Sytsma (2012), Li et al. (2016) y Will y Claßen-Bockhoff 2017). El género *Hyptis* es el más lejano de *Salvia* de los que se incluyeron en este análisis; este se localiza en la tribu Ocimeae (Li et al., 2016); tribu hermana de Mentheae, por lo que se seleccionó para enraizar el árbol filogenético. Los géneros de Lamiaceae, coinciden en egeneral con las topologías de análisis anteriores sobre la tribu Mentheae (Drew et al., 2012; Li et al., 2016), donde se encuentran los géneros más cercanos entre sí en las subtribus Menthinae (*Hedeoma* y *Poliomintha*); Nepetinae (*Agastache* y *Dracocephalum*); Lycopinae (*Lycopus*); Prunellinae (*Prunella*) y Salviinae (*Salvia, Melissa* y *Lepechinia*). Casi todas las subtribus de Mentheae tienen altos valores de soporte (100% SB) en análisis concatenados, excepto las subtribus Lycopinae y Prunellinae (75%, SB) lo cual se podría atribuir a un problema de muestreo escaso a nivel de géneros de estas dos subtribus.

Los árboles filogenéticos obtenidos para el subg. *Calosphace* de las secuencias concatenadas con mapeo de referencia en Geneious (matrices II, III y IV) y los árboles con

análisis coalescente en *HybPhyloMarker* (matrices V y VI), muestran topologías muy similares. Los clados basales con alto soporte en las ramas y clados con especies de diferentes secciones, pero en general más resueltos y con mayor soporte en las ramas que los obtenidos por Jenks et al. (2013) y Fragoso-Martínez et al. (2017). Uno de los beneficios de *HybPhyloMarker* es que se pueden realizar análisis adecuándolos a los datos, dependiendo de la tasa de evolución de los genes, se utilizan los mejores. Los datos se hacen más manejables y más adecuados a los diferentes modelos de evolución.

Uno de los dos grupos externos cercanos al subg. *Calosphace* en este estudio fueron el clado I *sensu* Walker et al. (2004) [*Salvia officinalis*, *S. sessilifolia* y *S. texana*] este es un clado basal hermano del subg. *Calosphace;* esto coincide con lo obtenido por Walker y Sytama (2007) con base en análisis de ADN de núcleo (ITS) y cloroplasto (*psb*A-*trn*H, *trn*L-*trn*F), con 2,132pb y datos de la morfología de sus estambres, con tecas rudimentarias y el conectivo no totalmente fusionado. El otro grupo externo cercano al subg. *Calosphace* es el subg. *Audibertia*, el cual es su grupo hermano más cercano.

La especie más basal del subg. *Calosphace* en este estudio es *Salvia axillaris* Moc. & Sessé (secc. monotípica *Axillares*), hermana del clado *Audibertia*, concordando con la mayoría de las propuestas filogenéticas previas (Walker, 2004; Walker y Sytsma, 2007; Jenks et al., 2013; Fragoso-Martínez et al., 2017). Esta ubicación difiere de la propuesta filogenética de Hu et al. (2018) realizado con 3,204pb de ADN de cloroplasto (*psb*A–*trn*H, *ycf*1–*rps*15, *trn*L–*trn*F y *rbc*L) y 1,109pb de ADN de núcleo (ITS y ETS) para especies nativas del Este de Asia; en su estudio *S. patens* y *S. cacaliifolia* Benth. (secciones *Blakea* y *Standleyana* respectivamente) se ubican en un clado hermano más basal que *S. axillaris* (Hu et al., 2018). *Salvia axillaris* es reconocida por sus estambres con ambas tecas posteriores expresadas (tanto las tecas anteriores como las posteriores se expresan en los estambres) y los conectivos no fusionados; a diferencia del resto de las especies del subg. *Calosphace;* que presentan ambas tecas posteriores abortadas, solo expresadas las anteriores y los conectivos fusionadas (Walker y Sytsma, 2007). Se sugiere como especie basal dentro del subgénero, por su diferenciación morfológica, con respecto al resto de las especies.

1) El “Clado *Hastatae*” es hermano es todas las filogenias a *Salvia axillaris,* este clado incluye las especies mexicanas de las secciones *Blakea* [*S. patens* y *Salvia vitifolia* Benth.], *Standleyana* [*S. cacaliifolia*] y *Hastatae* de América del Sur [*Salvia macrophylla* Tausch y *S. scutellarioides* Kunth]; este clado presenta alto soporte (100% SB) y (0.96 PPL) en todos los análisis, coincidiendo con Jenks et al. (2013) y Fragoso-Martínez et al. (2017) en ser uno de los clados basales del subg. *Calosphace*. Las especies mexicanas de las secciones *Blakea* y *Standleyana* fueron evaluadas morfológicamente por Turner (2011), agrupándolas en la sección *Standleyana* por sus corolas grandes de color azul principalmente. Esta unión se confirma en este estudio ya que las especies muestreadas pertenecientes a estas secciones se agrupan en un clado monofilético con alto soporte (100% SB) en los análisis de secuencias concatenadas, así como alto soporte (1.0 PPL) en los análisis de coalescencia. Las especies de este clado comparten similitudes morfológicas, como tener hojas deltadas a hastadas de hasta 17 × 19 cm, 2-4 flores por verticilastro, con corolas de color azul brillante o moradas, de hasta 6 cm de largo.

2) El “clado *Uliginosae*” conformado en este estudio por las secciones *Cucullatae* [*Salvia clinopodioides* Kunth], *Incarnatae* [*Salvia elegans* Vahl y *Salvia cinnabarina* M. Martens & Galeotti], *Scorodoniae* [*Salvia ramosa* Brandegee] y *Erythrostachy*s [*Salvia regla* Cav.]. Este clado difiere de las propuestas de Jenks et al. (2013) y Fragoso-Martínez et al. (2017), en sus estudios incluyeron un muestreo más amplio, pero en sus árboles las dos últimas secciones no se incluyen dentro del “clado *Uliginosae*”. En este estudio la relación de estas secciones se mantiene en todos los análisis del ensamble con mapeo de referencia en Geneious; mientras que en los análisis de coalescencia el soporte fue alto (1.0 PPL), (matriz V) pero *S. regla* se muestra con alto soporte (1.0 PPL) en una rama separada de este clado (matriz VI), y en el resto del clado el soporte es bajo (0.57 PPL). Las relaciones de este clado no se encuentran soportadas por caracteres morfológicos, siendo las especies muy diferentes en cuanto a longitud, forma y color de la corola. Se requerirá de un estudio posterior con mayor muestreo de las secciones, incluyendo la sección *Uliginosa* de la que toma el nombre este clado.

El clado "Core *Calosphace*" que contiene el resto de las especies del subgénero, que en estudios anteriores constaba de algunos clados resueltos inmersos en una gran politomía; con evidencia del genoma de núcleo y los análisis de secuencias concatenadas del ensamble en Geneious y el análisis de coalescencia en *HybPhyloMarker* mejora los valores de soporte y disminuye la politomía casi en su totalidad. Los clados presentan soporte (59 a 100% SB) en el análisis concatenados, con secciones monofiléticas con dos o más muestras; así como clados con especies de diferentes secciones, en los cuales, sería necesario aumentar el muestreo para resolver completamente las ramas con bajo soporte filogenético. La ventaja de trabajar con datos a escala genómica y no marcadores es que se pudieron resolver mejor los clados que se mantenían en politomía.

Una de las secciones con mayor número de muestras que se incluyó en este estudio fue la sección *Scorodoniae*, la cual con el presente muestreo no es monofilética, ya que las siete especies muestreadas (de las 16) se ubican en cuatro clados diferentes. Cuatro de las siete (*Salvia breviflora* Moc. & Sessé*, S. dugesii* Fernald*, S. keerlii* Benth. y *S. melissodora* Lag.) se agrupan en 3) el "clado complejo *Scorodoniae*" con *Salvia semiatrata* Zucc. [*Atratae*] y *Salvia lasiantha* Benth. [*Mitratae*]; siendo basales del clado *Salvia madrensis* Seem. [*Dusenostachys*] y *Salvia disjuncta* Fernald [Nobiles]. Las otras tres especies se agrupan en clados más lejanos y emparentados a otras secciones; *S. aequistans* se agrupa en un clado con las dos especies de la sección *Sigmoideae*; *S. occidua* se muestra como una de las especies basales en el "clado complejo *Polystachyae*" y *S. ramosa* se agrupa en un clado con las especies del "clado *Uliginosae*". La sección *Scorodoniae* fue analizada por Olvera-Mendoza (2017) a través del genoma de cloroplasto obteniendo una topología similar a la obtenida en estos análisis, donde la mayoría de las especies se agrupan en un mismo clado, excepto *S. aequidistans*, *S. ramosa* y *S. occidua*, las cuales se muestran en clados distantes, siendo *S. aequidistans* más cercana al "clado *Sigmoideae*", igual que en este estudio.

4) El "Clado *Fulgentes*" en este estudio incluye especies de las secciones *Fulgentes* [*Salvia fulgens* Cav., *S. dichlamys* y *Salvia microphylla* Kunth], *Cardinales* [*S. involucrata*, *S. karwinskii*, *S. puberula*, *Salvia wagneriana* Pol. y *Salvia univerticillata* Ramamoorthy ex Klitg.] y *Flocculosae* [*Salvia chamaedryoides* Cav. y *Salvia coahuilensis* Fernald]. La topología

del clado *Fulgentes* es semejante a lo obtenido por Jenks et al. (2013) y Fragoso-Martínez et al. (2017), con excepción de *Salvia greggii* A. Gray de la sección *Flocculosae*. Mientras los resultados de Jenks et al. (2013) sugieren una cercanía poco soportada (64% SB) con *Salvia lycioides* A. Gray, Fragoso-Martínez et al. (2017) la ubica como hermana de *S. coahuilensis* (98% SB). En este estudio se ubica *S. greggii* como hermana de *S. hispanica* (*Potiles*) en el clado *Angulatae*/*Potiles* con un alto soporte (100% SB) tanto en el en el análisis concatenado, como en el análisis coalescente (0.83 PPL, matrices V y VI). En este clado se ubica la sección *Cardinales* como monofilética ya que cinco de las nueve especies muestreadas en este estudio se mantienen en un mismo clado. En las otras dos secciones de este clado no se puede definir su monofilia por carecer de muestreo, especialmente para la sección *Flocculosae* de la que se muestrearon solo tres de las 18 especies que incluye esta sección. Sin embargo se podría justificar la unión de las especies de estas secciones en un mismo clado por compartir caracteres morfológicos como corolas grandes de color rojo, rosa o violeta, de hasta 3.5 cm de largo.

5) El "clado *Biflorae*/*Uricae* contiene especies de varias secciones entre ellas, *Biflorae* [*Salvia tubiflora* y *S. squalens*], *Brandegeia* [*S. blepharophylla*], *Farinaceae* [*S. azurea*], *Flexuosae* [*S. pauciserrata*], *Secundae* [*S. splendens*] y *Uricae* [*S. amarissima* y *S. urica*]. En los estudios de Jenks et al. (2013) y Fragoso-Martínez et al. (2017), la mayoría de estas secciones se encuentran en una politomía en ambos análisis, excepto la sección *Biflorae* la cual en el análisis de Fragoso-Martínez et al. (2017) se encuentra bien soportada (98% SB), pero dentro de un clado con politomías. En este estudio, este clado se encuentra bien soportado (83% a 100% SB) y (0.88 a 0.93 PPL) en ambos análisis realizados (secuencias concatenadas y análisis de coalescencia). Aunque este clado no se encuentra soportado por caracteres morfológicos, se encuentra dentro de este clado las secciones *Uricae* y *Biflorae* las cuales se recuperan como monofiléticas en todos los árboles.

6) El "clado *Sigmoideae*" [*Salvia inconspicua* y *S. nepetoides*] muestra las dos especies, como una sección monofilética, cercanamente emparentadas a *S. aequidistans* [*Scorodoniae*], con 100% SB y 1.0 PPL. Sin embargo, aunque en el análisis de Fragoso-Martínez et al. (2017) no se muestrearon las mismas especies de la sección *Sigmoideae* que

en este estudio, *S. eaquidistans* se encuentra en un clado con *Salvia tepicensis* Fernal [*Scorodoniae*], el cual se muestra como basal del "clado *Sigmoideae*"; mientras que en el análisis de Jenks et al. (2013), *S. inconspicua* es hermano al clado *S. tepicensis* también se ubica en un clado cercano a *Sigmoideae*. Las especies de la sección *Sigmoideae* aquí evaluadas, no habían sido muestreadas en el mismo estudio anteriormente; sin embargo, este clado se mantiene en todos los análisis. Las especies de este clado comparten caracteres morfológicos como hojas ovadas a lanceoladas de (2.5) 4-7 × 1.5-4.5 cm, flores pequeñas con 4 a 12 por verticilastro, flores azules a morado lila con el labio superior ligeramente más corto que el inferior.

7) El "clado *Angulatae*/*Potiles*", este agrupa especies de las secciones *Albolanatae* [*Salvia leucantha* Cav.], *Angulatae* [*S. roscida* y *Salvia longispicata* M. Martens & Galeotti], *Briquetia* [*Salvia mexicana* L.], *Farinaceae* [*Salvia farinacea* Benth.], *Flocullosae* [*S. greggii*], *Potiles* [*S. hispanica*] y *Polystachyae* [*Salvia connivens* Epling]. Las especies de este clado son heteromórficas y el clado no es fácil de caracterizar con base en la morfología, un ejemplo de ello es el tamaño de la corola que va desde los 0.5 cm a los 4 cm. De este clado se evaluaron tres muestras de *S. hispanica* L. [*Potiles*], aunque solo dos de ellas se incluyeron en las matrices II, III y IV por no tener los datos de secuenciación de estas en el momento de realizar estos análisis; las muestras de esta sección se ubican en el mismo clado con análisis RAxML y 87% SB en el alineamiento con *S. splendens* y 100% SB con el alineamiento de *S. patens*, aunque en clados con especies distintas. Una de las muestras se encuentra en un clado con las especies *Salvia connivens* Epling [*Polystachyae*], *Salvia mexicana* Sessé & Moc. [*Briquetia*] y *Salvia farinacea* Benth. [*Farinaceae*]. La otra muestra se encuentra en un clado relacionada con la sección *Angulatae* [*S. roscida* y *S. longispicata*] y *S. greggii* [*Flocculosae*] y *S. leucantha* [*Albolanatae*]. Este clado presenta especies con diferencias morfológicas notorias pero que en los diferentes análisis siempre se mantienen relacionadas, lo cual, podría deberse al escaso muestreo, sorteo incompleto de linajes o hibridación.

En la filogenia de *HybPhyloMarker* se incluyeron tres muestras de *S. hispanica*, dos de las cuales se ubican en el clado donde se encuentran *S. connivens* [*Polystachyae*] *S. mexicana*

[*Briquetia*] y *S. rhyacophila* [*Angulatae*], ésta última especie no se incluyó en los análisis con datos del ensamble en Geneious; mientras que la otra muestra de *S. hispanica* se sigue agrupando con las mismas especies que en el árbol de datos obtenido con *HybPhyloMarker*. Jenks et al. (2013) no incluyeron a *S. hispanica* en su estudio, pero sí Fragoso-Martínez et al. (2017), aunque solamente incluyeron una muestra, en su árbol *S. hispanica* se encuentra más cercanamente emparentada a *Angulatae* [*Salvia rhyacophila* (Fernald) Epling y *Salvia leptostachys* Benth.] con 100% SB.

De las tres especies de *Angulatae* que se inlcuyeron [*Salvia roscida* Fernald*, S. longispicata* y *Salvia tiliifolia*], las dos primeras se encuentran en el mismo clado ("clado *Angulatae*/*Potiles*"), en los análisis de las matrices II, III, IV; pero no cercanamente relacionadas; aunque si en la matriz II con 93% SB; mientras que *S. tiliifolia* en todas las matrices se ubica en el "clado complejo *Polystachyae*", cercanamente relacionada a una de las dos muestras de *S. polystachia*, esto concuerda con lo obtenido por Jenks et al. (2013), con el muestreo de otras *Angulatae,* aunque en este análisis se mejoran los valores de soporte en las ramas.

8) El "clado *Curtiflorae*", con tres especies de esta sección (*S. curtiflora* Epling *S. longistyla y S. nervata*); se encuentra bien soportado en ambos análisis aunque con topologías diferentes, en el análisis de la matriz II, se muestra con 98% SB; en la matriz III con 97% SB cercanamente emparentado a *S. chiapensis* [*Maxoniae*] y *S. areolata* [*Purpurea*]; mientras que en el análisis de la matriz IV se muestra con 87% SB cercano a las especies del "clado *Angulatae*/*Potiles*". En el análisis de la matriz V, este clado se encuentra en una politomía y en la matriz VI se encuentra con soporte de 1.0 PPL. Morfológicamente estas especies comparte algunas características como son, hojas ovadas a cordadas de hasta 12 × 10 cm, corolas rojas a purpuras de hasta 3 cm de largo con el labio inferior de la corola con tres lóbulos, cortos y revolutos; aunque su relación con *S. chiapensis* [*Maxoniae*] y *S. areolata* [*Purpurea*] no se muestra en todos los análisis filogenéticos, lo cual podría deberse a un muestreo incompleto de estas secciones.

9) El "clado complejo *Polystachyae*" incluyen además de las secciones *Polystachyae*, *Iodanthae, Purpureae*, las especies *S. tiliifolia* Vahl [*Angulatae*], *S. occidua* [*Scorodoniae*] y *Salvia chiapensis* Brandegee [*Maxonia*]. Este complejo de especies había sido previamente analizado por Bedolla-García (2012), quién lo nombró clado "*Polystachyae*, *Iodanthae* y *Purpureae* Mexicanas" o clado (PIP), soportado en su estudio por las regiones del núcleo ITS y ETS y AFLPs. En su estudio las especies de estas tres secciones se agrupan en un clado; mientras que en este estudio se unen especies de otras dos secciones (*Angulatae* y *Scorodoniae*). En los análisis de Jenks et al. (2013) y Fragoso-Martínez (2017) estas secciones se mantienen en clados con bajo soporte bootstrap y politomías. En este estudio la sección *Polystachyae* fue de las que se incluyó mayor número de especies muestreadas; nueve (con dos muestras de *S. polystachia*) de las 16 registradas en esta sección. Esta sección no se muestra como monofilética; aunque nueve de las 10 muestras se encuentran en un clado, este muestra un agrupamiento de especies de otras secciones; la especie que se muestra en otro clado es *S. connivens*, la cual se encuentra en el "clado *Angulatae/Potiles*" hermana a a *S. mexicana* [*Briquetia*]. Se evaluaron dos muestras para dos especies incluidas en el "clado complejo *Polystachyae*", *S. purpurea* [*Purpureae*] y *S. polystachia* [*Polystachyae*]. En los diferentes análisis sus relaciones de parentesco son diferentes, siendo *S. purpurea* monofilética en cuatro de los cinco análisis, mientras que en el análisis coalescente (matriz V), las dos muestras se encuentran separadas. Por otro lado las dos muestras de *S. polystachia* no se muestran como hermanas, ya que una de las muestras se encuentra cercanamente emparentada a *S. tiliifolia* [*Angulatae*] y la otra más cercana a *S. purpurea* [*Purpureae*]. La agrupación de las especies de este clado tan diverso en cuanto a morfología, podría deberse a factores como un muestreo incompleto; ya que se muestrearon solo algunas especies representativas de las secciones que se encuentran en este clado; por eso el bajo soporte filogenético en la mayoría de las ramas, en todos los análisis realizados. Tampoco se descarta que esto se deba a un sorteo incompleto de linajes, como consecuencia de la baja diferenciación genética de las especies incluidas.

Las secciones con más de una muestra que no se recuperan como monofiléticas en este estudio fueron *Farinaceae*, *Nobiles* y *Dusenostachys.* En estudios previos (Jenks et al., 2013;

Fragoso-Martínez et al., 2017) la sección *Farinaceae* [*Salvia azurea* Michx. ex Vahl y *S. farinacea*] no se infirió como monofilética. En el árbol de Jenks et al. (2013), *S. azurea* se encuentra en una politomía mientras que *S. farinacea* está emparentada a especies de las secciones *Curtiflorae* y *Angulatae*; mientras en el árbol Fragoso-Martínez et al. (2017) también estas especies se encuentran en clados alejados, *S. azurea* más cercanamente emparentada a una especie de la sección *Flocculosae* y *S. farinacea* a la sección monotípica *Pannellia*. En este estudio, *S. azurea* se encuentra más cercanamente emparentada con *Salvia blepharophylla* Brandegee [*Brandegeia*]*, S. amarissima* y *S. uricae* [*Uricae*] con 100% SB en las ramas y 0.74 PPL en el análisis de coalescencia*, S. farinacea* en todos los análisis, se encuentra en el "clado *Angulatae*/*Potiles*", emparentada con especies de la sección *Angulatae*, *Potiles*, *Briquetia* y *Polystachyae*. Aunque estas especies comparten muchos caracteres morfológicos, se ubican en clados separados en todos los análisis, esto podría deberse a un muestreo escaso.

Las especies de la sección *Nobiles* [*Salvia gesneriflora* Lindl. & Paxton y *Salvia disjuncta* Fernald], otra de las secciones que no se mantiene como monofilética en este estudio, fue consideradas por Jenks et al. (2013) como parte de la sección *Cardinales* como lo proponía Epling en 1939; mientras que Fragoso-Martínez et al. (2017) manejan a *S. gesneriflora* en la sección *Fulgentes* y a *S. disjuncta* en la sección *Holwaya* (sinónimo de *Cardinales*). Las especies de esta sección, se mantienen en clados diferentes; *S. gesneriflora*, es basal en el "clado *Fulgentes*" con 100% SB en el análisis de las matrices II y III o se une externamente al clado contiguo "clado *Fulgentes*" en una rama sola con 87% SB para la matriz IV y 0.92 PPL para la matriz V y 0.78 PPL para la matriz de VI; mientras que *S. disjuncta* se agrupa con *S. madrensis* como especie basales del "clado complejo *Scorodoniae"*, con 100% SB y 1.0 PPL con el análisis de coalescencia.

Las especies de la sección *Dusenostachys* [*Salvia divinorum* Epling & Játiva y *S. madrensis*]. En el análisis de Jenks et al. (2013), no se agrupan en un mismo clado, aunque estos autores tratan a *S. madrensis* como parte de la sección *Longipes* (Epling, 1944) y no como *Dusenostachys* como la había colocado Epling (1939). En el estudio mencionado, *S. divinorum* se muestra en un clado con *Salvia venulosa* Epling [*Tubiflorae*]; mientras que *S.*

*madrensis* se ubica en el "clado *Fulgentes*" cercanamente emparentada a la sección *Cardinales*. En el análisis de Fragoso-Martínez et al. (2017), *S. divinorum* se muestra igual que en análisis de Jenks et al. (2013) y *S. madrensis* también sección *Longipes* en su análisis, se muestra como basal del clado *Membranaceae*. En este análisis *Dusenostachys* no se muestra como monofilética ya que sus especies se muestran en ramas diferentes, *S. divinorum* siempre se muestra en una rama sola, basal al clado "core *Calosphace*" y *S. madrensis* siempre se ubica como basal en el "clado complejo *Scorodoniae*" cercanamente emparentada a *S. disjuncta* con 100%.

En este estudio se obtuvieron propuestas filogenéticas mejor resueltas que las anteriores, con alto soporte en las ramas tanto de los análisis Bayesianos como de verosimilitud máxima. El análisis de los datos de SMP se complica cuando se aplican mediciones que no fueron generadas para estos, por ejemplo el soporte bootstrap en la mayoría de los estudios de SMP tienden a ser muy altos, no necesariamente indican que una topología del árbol sea correcta (Soltis et al., 2004) por un sesgo de análisis; especialmente en los datos de secuencias concatenadas; sin embargo ambas metodologías para generar las hipótesis filogenéticas son congruentes entre sí en lo general y confirman algunas de las relaciones previamente propuestas (Jenks et al., 2013; Fragoso-Martínez et al., 2017).

En este estudio como en otros de SMP, se favoreció el muestreo de pb y no se logró un muestreo taxonómico tan amplio, para un género tan diverso. Creo que algunas relaciones se podrían modifican con un muestreo taxonómico más amplio, sobre todo de las secciones en que se muestreo solo un ejemplar; particularmente en ramas cortas. Una diferencia importante entre las dos estrategias de análisis es que con el *pipeline* de *HybPhyloMarker* se pueden seleccionar y analizar genes candidato dependiendo de su tasa de evolución, los cuales podrían ser un recurso importante en análisis futuros, así como para analizar genes individuales dependiendo de la importancia que tengan principalmente en la expresión de caracteres morfológicos.

# 6. CONCLUSIÓN

Este trabajo constituye el primer estudio filogenómico para 90 Lamiaceae y mayor muestreo en Salvia subgénero Calosphace. Utilizando el protocolo de secuenciación Masiva en paralelo Hyb-Seq se obtuvieron matrices de 760 a 157,865pb del genoma de núcleo. Este muestreo molecular es superior a los muestreos de estudios anteriores con secuenciación Sanger para regiones de cloroplasto (296 a 1,271pb) y núcleo con [672 a 1,835pb ITS y 437pb ETS]. Los únicos espaciadores nucleares utilizados en inferencia filogenética, a la fecha, han sido ITS y ETS, particularmente en combinación con regiones del cloroplasto. Los resultados de los análisis Bayesiano y de verosimilitud máxima aquí presentados, han provisto árboles mejor resueltos con mayor soporte de las ramas; por ejemplo se han mantenido secciones monofiléticas y se ha reducido el número de politomías.

Las matrices aquí analizadas, se evaluaron también en un marco de evolución coalescente, metodología poco utilizada en estudios filogenómicos, en los que normalmente se utilizan matrices de consenso superconcatenadas bajo un mismo modelo de evolución molecular. En un marco coalescente se analizaron individualmente árboles de genes; aunque las topologías de estos y los análisis concatenados son similares. El análisis individual de cada gen podrá utilizarse para seleccionar regiones polimórficas que podrán ser utilizadas en análisis poblacionales y filogenéticos con secuenciación Sanger.

En este primer estudio del subg. *Calosphace*; sin embargo, se tiene un muestreo taxonómico reducido, como sucede en la mayoría de los estudios filogenómicos; ampliando el muestreo taxonómico de salvias mexicanas así como especies de Centro y Sudamérica, algunas de relaciones se podrían modificar. Pero aquí se sientan las bases para estudios futuros que ayudarán a resolver el árbol filogenético completo de *Calosphace*.

## 7. LITERATURA CITADA


ALONSO, J.F. 2003. Estudios en Labiatae de Colombia IV. Novedades en Salvia y sinopsis de las secciones Angulatae y Purpureae. *Caldasia* 25: 235–281. Available at: http://digital.csic.es/handle/10261/33303.

BEDOLLA-GARCÍA B.Y. 2012. Filogenia de *Salvia* secc. *Polystachyae* (Lamiaceae). Tesis de doctorado. Facultad de biología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Morelia, Michoacán, México. 165 pp.

BERKMAN, P.J., K. LAI, M.T. LORENC y D. EDWARDS. 2012. Next-generation sequencing applications for wheat crop improvement. *American Journal of Botany* 99: 365–371.

BOGARÍN, D., O.A. PÉREZ-ESCOBAR, D. GROENENBERG, S.D. HOLLAND, A.P. KARREMANS, E.M. LEMMON, A.R. LEMMON, ET AL. 2018. Anchored hybrid enrichment generated nuclear, plastid and mitochondrial markers resolve the Lepanthes horrida (Orchidaceae: Pleurothallidinae) species complex. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 129: 27–47. Available at: https://doi.org/10.1016/j.ympev.2018.07.014.

BOROWIEC, M.L. 2016. AMAS: a fast tool for alignment manipulation and computing of summary statistics. *Peer J* 4:e1660.

CAI, J., P.F. MA, H.T. LI y D.Z. LI. 2015. Complete plastid genome sequencing of four tilia species (Malvaceae): A comparative analysis and phylogenetic implications. *PLoS ONE* 10: 1–13.

CAPELLA-GUTIÉRREZ, S., J.M. Silla-Martínez, T. Gabaldón. 2009. TrimAl: a tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses. *Bioinformatics* 25:1972–1973.

CARLSEN, M.M., T. FÉR, R. SCHMICKL, J. LEONG-ŠKORNIČKOVÁ, M. NEWMAN y W.J. KRESS. 2018. Resolving the rapid plant radiation of early diverging lineages in the tropical Zingiberales: Pushing the limits of genomic data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 128: 55–68.

CHAMALA, S., N. GARCÍA, G.T. GODDEN, V. KRISHNAKUMAR, I.E. JORDON-THADEN, R. DE SMET, W.B. BARBAZUK, ET AL. 2015. MarkerMiner 1.0: A new application for phylogenetic marker

development using angiosperm transcriptomes. *Applications in plant sciences* 3: 1400115. Available at: http://dx.doi.org/10.3732/apps.1400115.

CLAßEN-BOCKHOFF, R., T. SPECK, E. TWERASER, P. WESTER, S. THIMM y M. REITH. 2004. The staminal lever mechanism in Salvia L. (Lamiaceae): A key innovation for adaptive radiation? *Organisms Diversity and Evolution* 4: 189–205.

CRONN, R., B.J. KNAUS, A. LISTON, P.J. MAUGHAN, M. PARKS, J. V. SYRING y J. UDALL. 2012. Targeted enrichment strategies for next-generation plant biology. *American Journal of Botany* 99: 291–311.

CROSBY, M.A., L.S. GRAMATES, G. DOS SANTOS, B.B. MATTHEWS, S.E. ST. PIERRE, P. ZHOU, A.J. SCHROEDER, ET AL. 2015. Gene Model Annotations for *Drosophila melanogaster* : The Rule-Benders. *G3: Genes|Genomes|Genetics* 5: 1737–1749. Available at: http://g3journal.org/lookup/doi/10.1534/g3.115.018937.

Doyle J. y J. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochem Bull 19:11–15

DREW, B.T. y K.J. SYTSMA. 2012. Phylogenetics, biogeography, and staminal evolution in the tribe Mentheae (Lamiaceae). *American Journal of Botany* 99: 933–953.

EDWARDS, S. V., Z. XI, A. JANKE, B.C. FAIRCLOTH, J.E. MCCORMACK, T.C. GLENN, B. ZHONG, ET AL. 2016. Implementing and testing the multispecies coalescent model: A valuable paradigm for phylogenomics. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 94: 447–462. Available at: http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2015.10.027.

EGAN, A.N., J. SCHLUETER y D.M. SPOONER. 2012. Applications of next-generation sequencing in plant biology. *American Journal of Botany* 99: 175–185.

EPLING C.C. 1939. A revision of *Salvia*, subgenus *Calosphace*. Beihefte Feddes Repertorium specierum novarum regni vegetabilis 110: 1–383.

EPLING C (1940a) Supplementary notes on American Labiatae. Bull Torrey Bot Club 67:509–534

EPLING C (1940b) Labiatae. In: Woodson RE, Schery RW (eds) Flora of Panama IV, Ann Missouri Bot Gar., vol 27, pp 337–338

EPLING C (1941) Supplementary notes on American Labiatae-II. Bull Torrey Bot Club 68:552–568

EPLING C (1944) Supplementary notes on American Labiatae-III. Bull Torrey Bot Club 71:484–497

EPLING C (1947) Supplementary notes on American Labiatae-IV. Bull Torrey Bot Club 74:512–518

EPLING C (1951) Supplementary notes on American Labiatae-V. Brittonia 7:129–142

EPLING C (1960) Supplementary notes on American Labiatae-VII. Brittonia 12:140–150

EPLING C, JA´TIVA-M C (1963) Supplementary notes on American Labiatae-VIII. Brittonia 15:366–376

EPLING C, JA´TIVA-M C (1966) Supplementary notes on American Labiatae-IX. Brittonia 8:255–265

EPLING C, JA´TIVA-M C (1968) Supplementary notes on American Labiatae-X. Brittonia 20:295–313

EPLING C, MATHIAS ME (1957) Supplementary notes on American Labiatae-VI. Brittonia 8:297–313

FÉR, T. y R.E. SCHMICKL. 2018. Hybphylomaker: Target enrichment data analysis from raw reads to species trees. *Evolutionary Bioinformatics* 14:

FLODEN, A. y E.E. SCHILLING. 2018. Using phylogenomics to reconstruct phylogenetic relationships within tribe Polygonateae (Asparagaceae), with a special focus on Polygonatum. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 129: 202–213. Available at: https://doi.org/10.1016/j.ympev.2018.08.017.

FRAGOSO-MARTÍNEZ, I., M. MARTÍNEZ-GORDILLO, G.A. SALAZAR, F. SAZATORNIL, A.A. JENKS, M.D.R.

García Peña, G. Barrera-Aveleida, et al. 2017. Phylogeny of the Neotropical sages (Salvia subg. Calosphace; Lamiaceae) and insights into pollinator and area shifts. *Plant Systematics and Evolution* 304: 1–13.

Fragoso-Martínez, I., G.A. Salazar, M. Martínez-Gordillo, S. Magallón, L. Sánchez-Reyes, E. Moriarty Lemmon, A.R. Lemmon, et al. 2017. A pilot study applying the plant Anchored Hybrid Enrichment method to New World sages (Salvia subgenus Calosphace; Lamiaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 117: 124–134.

Fragoso, M.I. 2014. Análisis filogenético del complejo Salvia lavanduloides Kunth (Lamiaceae).

Freudenstein, J. V., M.B. Broe, R.A. Folk y B.T. Sinn. 2017. Biodiversity and the Species Concept - Lineages are not Enough. *Systematic Biology* 66: 644–656.

FELDMANN, K. A. y S. A. Goff. 2014. The First Plant Genome Sequence—Arabidopsis thaliana. Advances in Botanical Research, 69: 91–117.

Gardner, E.M., M.G. Johnson, D. Ragone, N.J. Wickett y N.J.C. Zerega. 2016. Low-Coverage, Whole-Genome Sequencing of *Artocarpus camansi* (Moraceae) for Phylogenetic Marker Development and Gene Discovery. *Applications in Plant Sciences* 4: 1600017. Available at: http://www.bioone.org/doi/10.3732/apps.1600017.

Gasc, C., E. Peyretaillade y P. Peyret. 2016. Sequence capture by hybridization to explore modern and ancient genomic diversity in model and nonmodel organisms. *Nucleic Acids Research* 44: 4504–4518.

Ge, X., H. Chen, H. Wang, A. Shi y K. Liu. 2014. De novo assembly and annotation of Salvia splendens transcriptome using the illumina platform. *PLoS ONE* 9: 1–9.

Godden, G.T., I.E. Jordon-Thaden, S. Chamala, A.A. Crowl, N. García, C.C. Germain-Aubrey, J.M. Heaney, et al. 2012. Making next-generation sequencing work for you: approaches and practical considerations for marker development and phylogenetics. *Plant Ecology and Diversity* 5: 427–450.

González-Gallegos, J.G. 2014. Revision of salvia subg. calosphace sect. membranaceae (lamiaceae). *Telopea* 16: 43–81.

Gugger, P.F., J.M. Peñaloza-Ramírez, J.W. Wright y V.L. Sork. 2017. Whole-transcriptome response to water stress in a California endemic oak, Quercus lobata. *Tree Physiology* 37: 632–644.

Hood, L. y L. Ro. 2013. The Human Genome Project: big science transforms biology and medicine. Genome Medicine, 5:79.

Hu, G.X., A. Takano, B.T. Drew, E. De Liu, D.E. Soltis, P.S. Soltis, H. Peng y C.L. Xiang. 2018. Phylogeny and staminal evolution of Salvia (Lamiaceae, Nepetoideae) in East Asia. *Annals of botany* 122: 649–668.

Jenks, A.A., J.B. Walker y S.C. Kim. 2011. Evolution and origins of the Mazatec hallucinogenic sage, Salvia divinorum (Lamiaceae): A molecular phylogenetic approach. *Journal of Plant Research* 124: 593–600.

Jenks, A.A., J.B. Walker, and S.C. Kim. 2013. Phylogeny of New World Salvia subgenus Calosphace (Lamiaceae) based on cpDNA (psbA-trnH) and nrDNA (ITS) sequence data. *Journal of Plant Research* 126: 483–496.

Jones, G. 2017. Algorithmic improvements to species delimitation and phylogeny estimation under the multispecies coalescent. *Journal of Mathematical Biology* 74: 447–467.

Jones, G., Z. Aydin y B. Oxelman. 2015. DISSECT: An assignment-free Bayesian discovery method for species delimitation under the multispecies coalescent. *Bioinformatics* 31: 991–998.

Katoh, K., J. Rozewicki y K.D. Yamada. 2017. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. *Briefings in Bioinformatics*1–7. Available at: http://academic.oup.com/bib/article/doi/10.1093/bib/bbx108/4106928/MAFFT-online-service-multiple-sequence-alignment.

KENT, W.J. 2002. BLAT - The BLAST-like alignment tool. *Genome Research* 12: 656–664.

LANGMEAD B., S.L. Salzberg. 2012. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nat Methods* 9:357–359.

LEMMON, A.R., S.A. EMME y E.M. LEMMON. 2012. Anchored hybrid enrichment for massively high-throughput phylogenomics. *Systematic Biology* 61: 727–744.

LI, H., Handsaker, B. Wysoker A, et al. 2009. 1000 Genome Project Data Processing Subgroup. The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. *Bioinformatics* 25:2078–2079.

LI, H., R. Durbin. 2009. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler Transform. *Bioinformatics* 25:1754–1760.

LI, B., P.D. CANTINO, R.G. OLMSTEAD, G.L.C. BRAMLEY, C.L. XIANG, Z.H. MA, Y.H. TAN y D.X. ZHANG. 2016. A large-scale chloroplast phylogeny of the Lamiaceae sheds new light on its subfamilial classification. *Scientific Reports* 6: 1–18.

MARTIN, M. 2011. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.journal* 17: 10. Available at: http://journal.embnet.org/index.php/embnetjournal/article/view/200.

MARTÍNEZ-GORDILLO, M. BEDOLLA-GARCÍA, B., I. CORNEJO-TENORIO, G. FRAGOSO-MARTÍNEZ, M.R. GARCÍA-PEÑA, S.I. GONZÁLEZ-GALLEGOS, J.G. LARA-CABRERA y S. ZAMUDIO. 2017. Lamiaceae de México. *Botanical Sciences*.

MARTÍNEZ-GORDILLO, M., I. FRAGOSO-MARTÍNEZ, M.D.R. GARCÍA-PEÑA y O. MONTIEL. 2013. Géneros de Lamiaceae de México, diversidad y endemismo. *Revista Mexicana de Biodiversidad* 84: 30–86.

MENDES, F.K. y M.W. HAHN. 2018. Why Concatenation Fails Near the Anomaly Zone. *Systematic Biology* 67: 158–169.

MENDOZA, E.I.O., B.Y.B. GARCÍA y S.I.L. CABRERA. 2017. Revisión taxonómica de Salvia subgénero Calosphace sección Scorodoniae (Lamiaceae), endémica de México. *Acta Botanica*

*Mexicana* 2017: 7–39.

MILLER, M.A., W. PFEIFFER y T. SCHWARTZ. 2010. Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. *2010 Gateway Computing Environments Workshop, GCE 2010*.

MIRARAB, S., R. REAZ, M.S. BAYZID, T. ZIMMERMANN, M. S. SWENSON y T. WARNOW. 2014. ASTRAL: Genome-scale coalescent-based species tree estimation. *Bioinformatics* 30: 541–548.

MIRARAB, S., Md. S.BAYZID y T. WARNOW. 2016. Evaluating Summary Methods for Multilocus Species Tree Estimation in the Presence of Incomplete Lineage Sorting. *Syst. Biol.* 65(3):366–380.

MOORE, M.J., P.S. SOLTIS, C.D. BELL, J.G. BURLEIGH y D.E. SOLTIS. 2010. Phylogenetic analysis of 83 plastid genes further resolves the early diversification of eudicots. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 107: 4623–4628. Available at: http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.0907801107.

MORIARTY LEMMON, E. y A.R. LEMMON. 2013. High-Throughput Genomic Data in Systematics and Phylogenetics. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst* 44: 99–121.

OLVERA-MENDOZA, E.I. 2017. Relaciones filogenéticas de las Secciones: *Sigmoideae*, *Scorodoniae* y *Uricae sensu* Epling (1939) del subgénero *Calosphace.* Tesis de Doctorado. Facultad de Biología. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo.

OLVERA-MENDOZA, E.I., G.T. Godden, S.I. Lara-Cabrera, J.C. Montero-Castro, J.M. Porter. Chloroplast and nuclear ribosomal phylogenomics in selected closely related *Salvia* subg. *Calosphace* species.

OUYANG, S., W. ZHU, J. HAMILTON, H. LIN, M. CAMPBELL, K. CHILDS, F. THIBAUD-NISSEN, ET AL. 2007. The TIGR Rice Genome Annotation Resource: Improvements and new features. *Nucleic Acids Research* 35: 8–11.

POTATO, T. y G. SEQUENCING. 2011. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato.

RIPMA, L.A., M.G. SIMPSON y K. HASENSTAB-LEHMAN. 2014. Geneious! Simplified Genome

Skimming Methods for Phylogenetic Systematic Studies: A Case Study in *Oreocarya* (Boraginaceae). *Applications in Plant Sciences* 2: 1400062. Available at: http://www.bioone.org/doi/10.3732/apps.1400062.

RONQUIST, F. y J.P. HUELSENBECK. 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics* 19: 1572–1574.

SANGER, F., S. NICKLEN y A R. COULSON. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 74: 5463–7. Available at: http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=431765&tool=pmcentrez&rendertype=abstract.

SATO, S., S. TABATA, H. HIRAKAWA, E. ASAMIZU, K. SHIRASAWA, S. ISOBE, T. KANEKO, ET AL. 2012. The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature* 485: 635–641.

SIMMONS, M.P. y J. GATESY. 2015. Coalescence vs. concatenation: Sophisticated analyses vs. first principles applied to rooting the angiosperms. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 91: 98–122. Available at: http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2015.05.011.

DE SMET, R., K.L. ADAMS, K. VANDEPOELE, M.C.E. VAN MONTAGU, S. MAERE y Y. VAN DE PEER. 2013. Convergent gene loss following gene and genome duplications creates single-copy families in flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 110: 2898–2903. Available at: http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1300127110.

SOLTIS, D.E., V.A. ALBERT, V. SAVOLAINEN, K. HILU, Y.L. QIU, M.W. CHASE, J.S. FARRIS, ET AL. 2004. Genome-scale data, angiosperm relationships, and "ending incongruence": A cautionary tale in phylogenetics. *Trends in Plant Science* 9: 477–483.

STAMATAKIS, A. 2014. RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30: 1312–1313.

STRAUB, S.C.., M. FISHBEIN, T. LIVSHULTZ, Z. FOSTER, M. PARKS, K. WEITEMIER, R.C. CRONN y A. LISTON. 2011. Building a model: Developing genomic resources for common milkweed(Asclepias

syriaca) with low coverage genome sequencing. *BMC Genomics* 12: 211.

STRAUB, S.C.K., M. PARKS, K. WEITEMIER, M. FISHBEIN, R.C. CRONN y A. LISTON. 2012. Navigating the tip of the genomic iceberg: Next-generation sequencing for plant systematics. *American Journal of Botany* 99: 349–364.

STRICKLER, S.R., A. BOMBARELY y L.A. MUELLER. 2012. Designing a transcriptome next-generation sequencing project for a nonmodel plant species. *American Journal of Botany* 99: 257–266.

TURNER, B. 2008. Recension of Salvia sect. Farinaceae (Lamiaceae). *Phytologia* 90: 163–175. Available at: http://www.phytologia.org/uploads/2/3/4/2/23422706/902163-175turnersalviasectfarinaceae.pdf.

TURNER, B. 2013. Taxomic overview of the mexican species of Salvia sect. Flocculosae (Lamiaceae). *Phytoneuron* 36: 1–11. Available at: http://www.phytoneuron.net/2013Phytoneuron/36PhytoN-SalviaSectFlocculosae.pdf.

TURNER, B.L. 2009. TurnerSalviaSectScor.pdf. 91: 256–269.

TURNER, B.L. 2011. Recension of Mexican Species of Salvia Sect. Standleyana (Lamiaceae). *Phytoneuron* 23: 1–6. Available at: http://www.phytoneuron.net/PhytoN-SalviasectStandleyana.pdf.

VILLAVERDE, T., L. POKORNY, S. OLSSON, M. RINCÓN-BARRADO, M.G. JOHNSON, E.M. GARDNER, N.J. WICKETT, ET AL. 2018. Bridging the micro- and macroevolutionary levels in phylogenomics: Hyb-Seq solves relationships from populations to species and above. *New Phytologist* 220: 636–650.

WALKER, J.B., B.T. DREW y K.J. SYTSMA. 2015. Unravelling Species Relationships and Diversification within the Iconic California Floristic Province Sages Salvia subgenus Audibertia, Lamiaceae). *Systematic Botany* 40: 826–844. Available at: http://openurl.ingenta.com/content/xref?genre=article&issn=0363-6445&volume=40&issue=3&spage=826.

WALKER, J.B. y K.J. SYTSMA. 2007. Staminal evolution in the genus Salvia (Lamiaceae): Molecular phylogenetic evidence for multiple origins of the staminal lever. *Annals of Botany* 100: 375–391.

WALKER, J.B., É. PEREIRA DOS SANTOS, V. SAVOLAINEN, A. PATON Y K.J. SYTSMA. 2006. A preliminary molecular phylogenetic analysis of *Salvia* subgenus *Calosphace*, Chap. 3. PhD thesis, submitted to University of Wisconsin, Madison.

WALKER, J.B., K.J. SYTSMA, J. TREUTLEIN y M. WINK. 2004. Salvia (Lamiaceae) is not monophyletic: Implications for the systematics, radiation, and ecological specializations of Salvia and tribe Mentheae. *American Journal of Botany* 91: 1115–1125.

WEITEMIER, K., S.C.K. STRAUB, R.C. CRONN, M. FISHBEIN, R. SCHMICKL, A. MCDONNELL y A. LISTON. 2014a. Hyb-Seq: Combining Target Enrichment and Genome Skimming for Plant Phylogenomics. *Applications in Plant Sciences* 2: 1400042. Available at: http://www.bioone.org/doi/10.3732/apps.1400042.

WEITEMIER, K., S.C.K. STRAUB, R.C. CRONN, M. FISHBEIN, R. SCHMICKL, A. MCDONNELL y A. LISTON. 2014b. Hyb-Seq: Combining Target Enrichment and Genome Skimming for Plant Phylogenomics. *Applications in Plant Sciences* 2: 1400042. Available at: http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?artid=4162667&tool=pmcentrez&rendertype=abstract.

WESTER, P. y R. CLAßEN-BOCKHOFF. 2011. Pollination Syndromes of New World Salvia Species with Special Reference to Bird Pollination. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 98: 101–155. Available at: http://www.bioone.org/doi/pdf/10.3417/2007035.

WILL, M. y R. CLAßEN-BOCKHOFF. 2017. Time to split Salvia s.l. (Lamiaceae) – New insights from Old World Salvia phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 109: 33–58. Available at: http://dx.doi.org/10.1016/j.ympev.2016.12.041.

XI, Z., L. LIU, J.S. REST y C.C. DAVIS. 2014. Coalescent versus concatenation methods and the placement of Amborella as sister to water lilies. *Systematic Biology* 63: 919–932.

XU, H., X. Luo, J. Qian, et al. 2012. FastUniq: a fast de novo duplicates removal tool for

paired short reads. *PLoS ONE* 7:e52249.

# 8. ANEXO

Tabla 1. Secciones y especies muestreadas, en paréntesis se muestra el número de especies de cada sección y el número de especies muestreadas. Las especies marcadas con + han sido evaluadas en los estudios mostrados en la parte superior de la tabla.

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| *Poliomintha* | | *Poliomintha incana* (Torr.) A. Gray | G. Godden & N. Ruiz Rubio, 116 (112). New Mexico, Rio Arriba Santa Fe National Forest. Madera Canyon. Sante Fe National Forest Tailhead 4, accessible from NM Highway 84 between Abiquiu and Hernandez. Approximately 7 miles SE of Abiqui and 3.25 miles from junction with NM 554. 36°10'11.160"N 106°13'12.564" W, 1789 m. 23/08/2011 | | |
| *Hyptis* | | *Hyptis mutabilis* (Rich.) Briq. | G. Godden, 287. Florida Alachua, Gainesville. University of Florida Campus. Along drainage ditch and trail south of Bartram Woods. 4/06/2015 | | |
| *Hedeoma* | | *Hedeoma drummondii* Benth. | G. Godden & N. Ruiz Rubio, 122. New Mexico. Otero Lincoln National Forest. Sacramento Mountains. Approximately 1 air miles south of Mayhill, along Miller Flats Rd., ca. 0.5 miles from | | |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | junction with Rio Penasco Road, NM 130. 32°52'34.524" N 105°28'21.972" W, 2039 m. 25/08/2011 | | |
| *Agastache* | | *Agastache pallidiflora ssp. neomexicana* | G. Godden, 123. New Mexico, Grant Gila National Forest. Along Hwy 15, just beyond the McMillan campground on west side of road. 32°55'41.460" N 108°12'38.688" W, 2102 m. 30/08/2011 | | |
| *Dracocephalum* | | *Dracocephalum parviflorum* Nutt. | R.R. Halse, 6624. Rio Arriba Co. Along US Hwy 64. ca. 12.5 miles SW of Dulce. 36° 46’ 53’’N 107° 6’ 19’’W. | | |
| *Lepechinia* | | *Lepechinia hastata* (A. Gray) Epling | RSABG, 20809. In cultivation at RSABG, from cuttings | | |
| | | *Lepechinia* sp. | J. M. Porter, L. A. Prather, R. Batallas & O. Álvarez, 14103. Ecuador. Prov. Azuay, S of the turn-off to Nabon and N of Oña, along Highway 35 (Pan-American Highway), 03°22.867’S, 79°11.255’W, ca, 3,890 m. 13/05/2004 | | |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| *Lycopus* | | *Lycopus americanus* Muhl. | Wood, 2507. Sacramento river: city of Redding. Small pond open to the river on the W side of the river ± 0.5 miles upstream of Cypress Ave. Bridge. 40° 34' 40''N 122° 21' 12''W, 143m. 01/09/2010 | | |
| *Melissa* | | *Melissa officinalis* L. | G. Godden. Cultivated material bought to Flowers by the sea, CA. | | + |
| *Prunella* | | *Prunella vulgaris* L. | G. Godden & N. Ruiz Rubio, 118. New Mexico. Otero Lincoln National Forest. Near Mascalero Apache Reservation: Sacramento Montains. Along NM Hwy 255, near mile marker 7. 33° 00'30.054'' N, 105°39'12.552''W, 2388m. 25/08/2011 | | |
| *Salvia* | *Audibertia* (15/2) | *Salvia brandegeei* Munz | RSABG accession, 22651. Wild collected San Quintin, Baja California. | | |
| | | *Salvia sonomensis* Greene | G. Hills, 22198. RSABG accesion in cultivation from wild cllected San Juan. 17/05/2007 | | |
| | *Salvia* | *Salvia officinalis* L. | G. Godden, 285. Private residence at 1876 Abilene Way. Cultivated in the garden of Judy Ott- | | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | McGoon. California, Los Angeles, Claremont. 34°07.040'N, 117°42.751' W, 429 m. 19/03/2015 | | |
| | | *Salvia sessilifolia* Baker | J. M. Porter, 101. | | |
| | *Salviastrum* | *Salvia texana* (Scheele) Torr. | G. Godden & N. Ruiz Rubio, 88. Texas, Tarrant Avondale. Along Penden Road, opposite Eagle Mountain Lake State Park, at junction of Farm to Market 718, 32°56'07.650" N 97°28'36.858" W. 7/08/2011 | | |
| | *Albolanatae* (1/2) | *Salvia leucantha* Cav. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15318. In cultivation at Huntington Botanical Garden. | + | + |
| | *Angulatae* (4/32) | *Salvia tiliifolia* Vahl | B. Bedolla-García, 15. Carr. Santa Ana Maya-Iramuco, pasando Puerto Las Cabras, 3.5km al E. Acámbaro, 19°58.39N 100°56.33W, 1824 m. Guanajuato, México. | + | + |
| | | *Salvia longispicata* M. Martens & Galeotti | S. Lara-Cabrera, 116. A 19 km en carr. Chilpancingo a Chihualco, a 3km del Palmar. | + | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | Guerrero. México.17°30'39"N 99°37'13"W, 1547m. 24/11/06 | | |
| | | *Salvia roscida* Fernald | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15365. Berkeley BG | | |
| | | *Salvia rhyacophila* (Fernald) Epling | G. Godden, 23. | | + |
| | *Atratae* (1/1) | *Salvia semiatrata* Zucc. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15337. Cabrillo Botanical Garden, California EUA. 01/10/ 2014 | + | + |
| | *Axillares* (1/1) | *Salvia axillaris* Moc. & Sessé | F. Chiang & A. L. Azumbilla, 2625. On the road toward Cañada Morelos. Puebla. México. 9/06/1985 | + | + |
| | *Biflorae* (2/4) | *Salvia squalens* Kunth | J. M. Porter & J. Travis Columbus, 12157. Department Piura. 40 km E of the intersection of the old PanAm Highway 4A/3N to Jean and Moyabamba;Steep eroding Cliff walls, along side of highway, 05°51’ 02’’S, 79°31’26’’W, 1850 m. 11/04/2000 | | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia tubiflora* Sm. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15317. Huntington BG. | + | + |
| | *Blakea* (2/5) | *Salvia patens* Cav. | S. Lara-Cabrera & R. Lindig, 137. Camino a Mineral del Chico. Mpio. Mineral, Hidalgo. México. 20.08.42N, 98.41.31W. 14/09/2008 | + | + |
| | | *Salvia vitifolia* Benth. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15340 Cabrillo BG | + | + |
| | *Brandegeia* (1/3) | *Salvia blepharophylla* Brandegee | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15325. In cultivation at Huntington Botanical Garden. | + | + |
| | *Briquetia* (1/5) | *Salvia mexicana* L. | B. Bedolla-García & E. Olvera, 59. Carretera hacia Ciudad Altamirano. Guerrero. México. 17°58'51.4'' N 101°12'50.2''W, 1829m. 30/10/09 | + | + |
| | *Cardinales* (5/9) | *Salvia karwinskii* Benth. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15362 Berkeley BG | + | + |
| | | *Salvia wagneriana* Pol. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15354 Berkeley BG | + | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia involucrata* Cav. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15320. In cultivation at Huntington Botanical Garden. Staff expedition. México, Querétaro, near border with S.L.P., N of Hwy 120W of Xilitla, along road to Pozo y Valle de Guadalupe. 17/11/1971 | + | + |
| | | *Salvia puberula* Fernald | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15349. Berkeley BG | | |
| | | *Salvia univerticillata* Ramamoorthy ex Klitg. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15355. In cultivation at GH RSABG, from cuttings | | + |
| | *Cucullatae* (1/1) | *Salvia clinopodioides* Kunth | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15336 Cabrillo BG | + | + |
| | *Curtiflorae* (3/9) | *Salvia curtiflora* Epling | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15356 Berkeley BG | + | |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia nervata* M. Martens & Galeotti | B. Bedolla-García & G. Domínguez, 101. A las afueras de Siltepec. Mpio. Siltepec. 15 26 57N, 92, 15, 58W, 2874m. Chiapas. México.28/12/2009 | + | + |
| | | *Salvia longistyla* Benth. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15353. Berkeley BG. 13/01/2015 | + | + |
| | *Dusenostachys* (2/9) | *Salvia madrensis* Seem. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15321. Huntington BG | + | + |
| | | *Salvia divinorum* Epling & Játiva | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15359. Berkeley BG | + | + |
| | *Secundae* (1/10) | *Salvia splendens* Sellow ex Wied-Neuw. | S. Lara-Cabrera, 170. Cultivated material bought to Flowers by the sea, CA. | + | + |
| | *Erythrostachys* (1/4) | *Salvia regla* Cav. | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15328. Huntington BG | + | + |
| | *Farinaceae* (2/10) | *Salvia farinacea* Benth. | G. Godden & N. Ruiz Rubio, 94. State Texas, Country, Brewster, Near Marathon. | + | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | Along US Route 90 between Alpine and Marathon; ca. 20 road miles from Alpine, Texas. 30°15'21.240"N, 103°24'13.572" W. 12/08/2011 | | |
| | | *Salvia azurea* Michx. ex Vahl | G. Godden & N. Ruiz Rubio, 111. State New Mexico, Country Taos, Carson National Forest. 36°19'27.53" N, 105°35'07.37"W. 22/08/2011 | + | + |
| | *Flexuosae* (1/4) | *Salvia pauciserrata* Benth. | G. Godden 31-Godden et al 279. | | + |
| | *Flocculosae* (3/18) | *Salvia chamaedryoides* Cav. | GH RSABG xx2 | + | + |
| | | *Salvia coahuilensis* Fernald | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15329. Cabrillo BG | + | + |
| | | *Salvia greggii* A. Gray | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15315. In cultivation at Huntington Botanical Garden. | + | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | *Fulgentes* (3/6) | *Salvia fulgens* Cav. | S. Lara-Cabrera y R. Lindig, 143. Carretera México-Toluca, La Marquesa. México. 16/09/2008 | + | + |
| | | *Salvia dichlamys* Epling | S. Lara-Cabrera, 171. Cultivated material bought to Flowers by the sea, CA. | | |
| | | *Salvia microphylla* Kunth | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15327. In cultivation at Huntington Botanical Garden. México, Hidalgo, La Placita d., 85, km 165. | + | + |
| | *Hastatae* (2/7) | *Salvia macrophylla* Benth. | J. M. Porter, 77. | + | + |
| | | *Salvia scutellarioides* Kunth | G. Godden 27-Godden et al 275. Cabrillo BG | + | + |
| | *Incarnatae* (2/2) | *Salvia elegans* Vahl | S. Lara-Cabrera, 136. Camino a Mineral del Chico. Mpio, Mineral del Chico, 20.08.24N 98.41.31W. 2170m Hidalgo, México. 14/09/2008 | + | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia cinnabarina* M. Martens & Galeotti | 101-1 | + | + |
| | *Iodanthae* (1/1) | *Salvia iodantha* Fernald | B. Bedolla-García, 66.Cerro Patamban, entrando por Aranza. Michoacán. México. 31/12/08 | + | + |
| | *Lavanduloideae* (2/18) | *Salvia helianthemifolia* Benth. | B. Bedolla-García, 28. Sobre la brecha, pasando Higueras. Victoria, Guanajuato 21°16'14.8"N 100°08'08.6"W 2456msnm. 04/11/08 | | + |
| | | *Salvia lavanduloides* Kunth | S. Lara-Cabrera, 155. Carretera Tepoztlán San Juan Tlacotenco, Morelos 19.00.08N; 99.06.99W. México. 31/10/2009 | + | + |
| | *Maxoniae* (1/7) | *Salvia chiapensis* Fernald | J. M. Porter & S. Lara-Cabrera, 15364 Berkeley BG | + | + |
| | *Mitratae* (1/2) | *Salvia lasiantha* Benth. | M. Veliz, 24375. Guatemala, Huehutenango Chiantla, La Zeta. 15°21'40.24'' N 91° 26' 12'' W, 2184 m. 23/09/ 2014 | + | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | *Nobiles* (2/12) | *Salvia disjuncta* Fernald | M. Veliz & E. Olvera, 24376. Guatemala, Huehuetenago, Chiantla, cerca del Mirador, 23/09/2014 | + | + |
| | | *Salvia gesneriiflora* Lindl. & Paxton | S. Lara-Cabrera, 112. Carr. Huitzilac a Lagunas de Zempoala en el marcaje km 10. 19° 18' 23'' N, 99° 13' 44''W. 2924 m. Estado de México. México. 04/11/06 | + | + |
| | *Polystachyae* (9/16) | *Salvia polystachia* Ortega (163) | S. Lara-Cabrera, 163. 5km al S de Tetela del Volcán camino a Temoac, Morelos, México. 18° 50’ 55’’N, 98° 44’ 16’’W, 2030m. | + | + |
| | | *Salvia polystachia* Ortega (165) | B. Bedolla-García, 65. En los alrededores de Tlalpujahua Mpio. Tlalpujahua, Estado de Michoacán. 19° 48’ 05’’ N 100° 11’ 40’’ W, 2633m | + | + |
| | | *Salvia brachyodonta* Briq. | B. Bedolla-García, 51. Parque mirador independencia. Guadalajara. Jalisco, México. 20° 44' 25'' N 103° 18' 36.1'' W, 1509m. 17/10/09 | | |
| | | *Salvia decora* Epling | J. Calonico-Soto & A. Blanco. Primer campo, 5.56km al NE del Aguacate. Coahuayutla, | | |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | | Guerrero. México. 18°12'00.5" N 101°24'58"W, 2113m. 02/11/07 | | |
| | | *Salvia filipes* Benth. | S. Lara-Cabrera, 161. Camino de los Prismas Basálticos a Ex-Haciencda Santa María Regla, a 50 m de Recinas, Hidalgo, México. 20°14'15''N, 98°33'49''W, 2020m. | | + |
| | | *Salvia perblanda* Epling | J. Calonico-Soto & A. Blanco, 27191. Primer campo, 5.56km al NE del Aguacate. Coahuayutla, Guerrero. México. 18º12'00.5" N 101º24'58"W, 2113m. 02/11/07. | | |
| | | *Salvia plurispicata* Epling | B. Bedolla-García, 64. Cerro Patamban entrando por Aranza. Michoacán. México. 31/12/2008 | | + |
| | | *Salvia connivens* Epling | E. Olvera, 4. Municipio Xichú en llano grande a unos metros donde comienza el río. 06/10/08 | | + |
| | | *Salvia purepecha* Bedolla, S. Lara Cabrera & Zamudio | B. Bedolla-García, 52. Michoacan, mpio Tangancícuaro, a las afueras de Patamban, sobre la carretera Patamban-Aranza, a la orilla de un río estacional. 31/12/2009 | | |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia tonaticensis* Ramamoorthy ex see Lara Cabrera, Sabina I., Bedolla & Zamudio | S. Zamudio, 15242. in cultivation from the wild, Barranca de Tonatico, Estado de México. 18°47'43''N, 99°,42'49'' W, 1420 m. | | + |
| | *Potiles* (1/1) | *Salvia hispanica* L. | P. del castillo & J. del Castillo P., 028. | | + |
| | | *Salvia hispanica* L. | G. Godden, 6 | | + |
| | | *Salvia hispanica* L. | G. Godden, 16 | | + |
| | *Purpureae* (3/9) | *Salvia curviflora* Benth. | B. Bedolla-García, 71. Piedras de Lúmbre, Jerécuaro, Guanajuato. 20°14.46N, 100°.36.34 W, 2352m. | | + |
| | | *Salvia purpurea* Cav. (103) | B. Bedolla-García, 103. A las afueras de Siltepec. Mpio. Siltepec. 15° 26’ 57’’N, 92° 15’ 58’’W. 2874m. Chiapas. México. 28/12/2009 | + | + |
| | | *Salvia purpurea* Cav. (156) | S. Lara-Cabrera, 156. Carretera Tepoztlán San Juan Tlacotenco, Morelos 19°.00.08N; 99°.06.99W. México. 31/10/2009 | | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia areolata* Epling | M. Veliz & E. Olvera, 24377. GUATEMALA, Huehuetenango, Chiantla, cerca del Mirador. 15° 23 57 N 91° 26 20.5W, 2981m. 23/09/2014 | + | + |
| | *Scorodoniae* (7/16) | *Salvia aequidistans* Fernald | E. Olvera, 22A. Camino de Compostela hacia Tepic entre 11 y 13 kms. Nayarit, México. 30/10/2014 | | + |
| | | *Salvia breviflora* Moc. & Sessé | S. Lara-Cabrera, 171. 3.7 km al S en desviación a Tlayca de la carretera Cuautla-Izucar de Matamoros, Mex 160. Morelos, México. 2/11/2013 | | + |
| | | *Salvia keerlii* Benth. | E. Olvera & J. Olvera-Sanchez, 11.2.13. Queretaro, Mpio. Colón, camino entre Bernal y Santiago de Queretaro. Matorral Xerófilo. 2/11/2013. | + | + |
| | | *Salvia melissodora* Lag. | E. Olvera & J. Olvera, 25. Ixmiquilpan, Hidalgo, México. 4/11/2013 | + | + |
| | | *Salvia occidua* Epling | E. Olvera, 12.18.12. Distrito Pochutla en San Miguel del Puerto, Nayarit | | |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia ramosa* Brandegee | J.C. Montero, 1548. Carretera Tlaxiaco-Putla, 9.5 Km by SW de Tlaxiaco, chapel of the Virgin de Guadalupe. Distrito of Tlaxiaco, Oaxaca, México. 14/09/2008 | + | + |
| | | *Salvia dugesii* Fernald | E. Olvera, 727-1. Saliendo de Bernal. Querétaro. México | | |
| | *Sigmoideae* (2/11) | *Salvia inconspicua* Bertol. | J. C. Montero, 1553B. Juxtlahuaca carretea a San Juan Piñas, 8km al W de San Sebastián Tecomatlahuaca. Oaxaca | + | |
| | | *Salvia nepetoides* Kunth | S. Lara-Cabrera, 115a. A 19 km en carr. Chilpancingo a Chihualco, a 3km del Palmar. 17°30'39"N 99°37'13"W, 1547m. Guerrero. México. 24/11/2006 | | |
| | *Standleyana* (1/1) | *Salvia cacaliifolia* Benth. | M. Veliz, 24378. Guatemala, Huehuetenango, Chiantla, La Capellina, 15 24 31N 91 25 55W, 3158m. 23/11/2014 | + | + |
| | *Uricae* (2/2) | *Salvia amarissima* Ortega | E. Olvera, 738-1. Peña de Bernal. Querétaro, México | + | + |

| Género | Sección y número de especies | Especies | Colector y Localidad | Jenks et al., 2013 | Fragoso-Martínez et al., 2017 |
|---|---|---|---|---|---|
| | | *Salvia urica* Epling | M. Veliz, 24364. Guatemala, Sacatepéquez, San Lucas Sac., recta del Mirador a San Lucas, 14° 36 04N 91° 38 36W, 2096m. 30/11/2014 | + | + |

Tabla 2. Genes utilizados para las sondas enriquecidas en base al genoma de Arabidopsis thaliana (L.) Heynh., para el ensamble y mapeo en Geneious de las matrices I a IV. Nomenclatura del gen, AT=Arabidopsis thaliana, número=número de cromosoma, G+número = gen.

| Gen | Nombre |
|---|---|
| **AT1G05120** | Helicase protein with RING/U-box domain-containing protein |
| **AT1G07010** | Calcineurin-like metallo-phosphoesterase superfamily protein |
| **AT1G11545** | Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase 8 |
| **AT1G16970** | ATP-dependent DNA helicase 2 subunit Ku70-like protein |
| **AT1G35190** | 2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase Superfamily protein |
| **AT1G51940** | Protein kinase family protein / peptidoglycan-binding LysM domain-containing protein |
| **AT2G04305** | Magnesium transporter CorA-like family protein |
| **AT2G36895** | D-tagatose-1,6-bisphosphate aldolase subunit |
| **AT2G45770** | Signal recognition particle receptor protein, chloroplast (FTSY) |
| **AT2G45990** | Ribosomal RNA small subunit methyltransferase G |
| **AT3G01720** | Peptidyl serine alpha-galactosyltransferase |
| **AT3G04260** | Plastid transcriptionally active 3 |
| **AT3G04480** | Endoribonuclease |
| **AT3G09030** | BTB/POZ domain-containing protein |
| **AT3G11830** | TCP-1/cpn60 chaperonin family protein |
| **AT3G12290** | Amino acid dehydrogenase family protein |
| **AT3G17040** | High chlorophyll fluorescent 107 |
| **AT3G17940** | Galactose mutarotase-like superfamily protein |
| **AT3G22590** | Plant Homologous to Parafibromin |
| **AT3G23620** | Ribosomal RNA processing Brix domain protein |
| **AT3G25660** | Amidase family protein |
| **AT3G25900** | Homocysteine S-methyltransferase family protein |
| **AT3G27530** | Golgin Putative 6 |
| **AT3G29010** | Biotin/lipoate A/B protein ligase family |
| **AT3G43540** | Initiation factor 4F subunit (DUF1350) |
| **AT3G46610** | Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein |

| Gen | Nombre |
|---|---|
| **AT3G46790** | Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein |
| **AT3G48460** | GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein |
| **AT3G48460** | GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein |
| **AT3G52640** | Zn-dependent exopeptidases superfamily protein |
| **AT3G55260** | Beta-hexosaminidase 1 |
| **AT3G56460** | GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein |
| **AT3G57790** | Pectin lyase-like superfamily protein |
| **AT3G58690** | Protein kinase superfamily protein |
| **AT3G59040** | Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein |
| **AT3G59380** | Farnesyltransferase A |
| **AT3G60830** | Actin-related protein 7 |
| **AT3G60850** | Hypothetical protein |
| **AT4G01880** | Methyltransferase |
| **AT4G02990** | Mitochondrial transcription termination factor family Protein |
| **AT4G04930** | Fatty acid desaturase family protein |
| **AT4G09750** | NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein |
| **AT4G19490** | VPS54 |
| **AT4G20130** | Plastid transcriptionally active 14 |
| **AT4G30510** | Yeast autophagy 18 B-like protein |
| **AT4G35870** | Early-responsive to dehydration stress protein (ERD4) |
| **AT4G38460** | Geranylgeranyl reductase |
| **AT5G05660** | NF-X1-type zinc finger protein NFXL2 |
| **AT5G14720** | Protein kinase superfamily protein |
| **AT5G18070** | Phosphoglucosamine mutase-like protein |
| **AT5G50390** | Pentatricopeptide repeat (PPR-like) superfamily protein |
| **AT5G56580** | MAP kinase kinase 6 |
| **AT5G61530** | Small G protein family protein / RhoGAP family protein |
| **AT5G63610** | Cyclin-dependent kinase E;1 |

Tabla 3. Resumen estadístico del ensamble en Geneious para el grupo externo, usando como referencia las sondas concatenadas, enriquecidas para el análisis.

| Sección | Especie | Assembly reads | Depth mean | Depth Std Dev | GC content (%) | A (%) | C (%) | G (%) | T (%) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Poliomintha | *Poliomintha incana* | 148,388 | 237 | 455.8 | 44.7% | 27.3% | 17.5% | 27.2% | 28.0% |
| Hyptis | *Hyptis mutabilis* | 148,015 | 309.2 | 720.2 | 43.6% | 27.7% | 16.5% | 27.2% | 28.6% |
| Hedeoma | *Hedeoma drummondii* | 150,070 | 450 | 799.9 | 44.4% | 27.6% | 17.4% | 27.0% | 28.0% |
| Agastache | *Agastache pallidiflora ssp. Neomexicana* | 148,281 | 539 | 839.1 | 44.2% | 27.4% | 17.2% | 26.9% | 28.4% |
| Dracocephalu | *Dracocephalum parviflorum* | 149,036 | 584.2 | 955.3 | 44.3% | 27.4% | 17.1% | 27.1% | 28.3% |
| Lepechinia | *Lepechinia hastata* | 147,973 | 171.3 | 443.4 | 49.5% | 24.9% | 18.5% | 31.0% | 25.6% |
| Lepechinia | *Lepechinia sp.* Ecuador | 147,370 | 289.3 | 460.3 | 43.7% | 27.6% | 17.1% | 26.6% | 28.8% |
| Lycopus | *Lycopus americanus* | 148,419 | 837.8 | 1304.2 | 44.0% | 27.5% | 17.2% | 26.8% | 28.5% |
| Melissa | *Melissa officinalis* | 147,404 | 372 | 571.4 | 44.3% | 27.3% | 17.1% | 27.2% | 28.4% |
| Prunella | *Prunella vulgaris* | 147,317 | 164.7 | 336.5 | 44.2% | 27.5% | 17.3% | 26.9% | 28.4% |

Tabla 4. Resumen estadístico del ensamble en Geneious para cada especie, usando como referencia a *Salvia patens*.

| Sección | Especie | Assembly reads | Depth mean | Depth Std Dev | GC content (%) | A (%) | C (%) | G (%) | T (%) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Albolanatae | *Salvia leucantha* | 169,752 | 2415.6 | 3006.2 | 45.1% | 26.7% | 18.3% | 26.8% | 28.3% |
| Angulatae | *Salvia longispicata* | 155,963 | 845.2 | 1289.5 | 45.6% | 26.7% | 18.4% | 27.2% | 27.6% |
| Angulatae | *Salvia roscida* | 151,535 | 727.6 | 1060.3 | 45.1% | 26.9% | 18.3% | 26.8% | 28.0% |
| Angulatae | *Salvia tiliifolia* | 166,481 | 1760.8 | 2625.8 | 46.4% | 26.3% | 18.6% | 27.8% | 27.3% |
| Angulatae | *Salvia rhyacophila* | 148,614 | 424.5 | 673.6 | 44.8% | 27.2% | 17.9% | 26.8% | 28.0% |
| Atratae | *Salvia semiatrata* | 157,461 | 1349 | 1874.1 | 44.5% | 27.0% | 17.9% | 26.6% | 28.5% |
| Axillares | *Salvia axillaris* | 153,516 | 652 | 1112.4 | 44.9% | 27.0% | 17.8% | 27.1% | 28.1% |
| Biflorae | *Salvia squalens* | 172,053 | 2589.9 | 3548.5 | 45.1% | 26.6% | 18.1% | 27.0% | 28.3% |
| Biflorae | *Salvia tubiflora* | 171,627 | 2306.4 | 2980.8 | 45.1% | 26.6% | 18.2% | 26.9% | 28.3% |
| Blakea | *Salvia patens* | 154,474 | 562.1 | 879.9 | 45.3% | 26.6% | 18.0% | 27.3% | 28.1% |
| Blakea | *Salvia vitifolia* | 159,750 | 715.3 | 1127.7 | 45.7% | 26.3% | 18.2% | 27.5% | 28.0% |
| Brandegeia | *Salvia blepharophylla* | 151,631 | 1140.4 | 1526 | 44.8% | 26.9% | 17.9% | 26.8% | 28.3% |
| Briquetia | *Salvia mexicana* | 166,666 | 1904.7 | 2424.3 | 44.9% | 26.8% | 18.1% | 26.8% | 28.3% |
| Cardinales | *Salvia involucrata* | 161,977 | 1170.2 | 1598.4 | 44.7% | 26.8% | 18.0% | 26.7% | 28.4% |
| Cardinales | *Salvia karwinskii* | 154,167 | 703.9 | 1007 | 45.0% | 26.8% | 18.1% | 26.9% | 28.2% |
| Cardinales | *Salvia puberula* | 153,846 | 874.5 | 1368.3 | 44.8% | 26.7% | 18.1% | 26.7% | 28.4% |
| Cardinales | *Salvia wagneriana* | 150,806 | 1357.9 | 1993.7 | 44.9% | 27.1% | 17.8% | 27.0% | 28.0% |
| Cardinales | *Salvia univerticillata* | 158,956 | 1206.1 | 1614.9 | 44.7% | 27.0% | 18.1% | 26.6% | 28.3% |
| Cucullatae | *Salvia clinopodioides* | 158,646 | 664.1 | 1924.6 | 45.0% | 25.6% | 19.4% | 25.6% | 29.4% |
| Curtiflorae | *Salvia curtiflora* | 171,160 | 1776.5 | 2321.2 | 45.3% | 26.6% | 18.3% | 27.0% | 28.0% |
| Curtiflorae | *Salvia nervata* | 159,732 | 1506.3 | 2484.5 | 45.4% | 26.7% | 18.2% | 27.3% | 27.8% |
| Curtiflorae | *Salvia longistyla* | 166,919 | 2005.5 | 2839.3 | 45.4% | 26.6% | 18.2% | 27.2% | 28.0% |
| Secundae | *Salvia splendens* | 171,806 | 2040.7 | 3302.2 | 45.5% | 26.6% | 18.1% | 27.4% | 27.8% |
| Dusenostachys | *Salvia divinorum* | 159,314 | 842.7 | 1125.9 | 44.6% | 26.9% | 18.0% | 26.6% | 28.5% |
| Dusenostachys | *Salvia madrensis* | 155,224 | 1010.2 | 1381.6 | 44.2% | 27.0% | 17.8% | 26.3% | 28.8% |
| Erythrostachys | *Salvia regla* | 158,774 | 699.8 | 903.9 | 44.4% | 26.9% | 18.1% | 26.3% | 28.7% |
| Farinaceae | *Salvia azurea* | 151,803 | 1159.3 | 1743.8 | 45.3% | 26.9% | 18.0% | 27.3% | 27.7% |
| Farinaceae | *Salvia farinacea* | 162,414 | 1406.7 | 1877.9 | 45.1% | 26.7% | 18.2% | 26.8% | 28.2% |
| Flexuosae | *Salvia pauciserrata* | 169,149 | 1823.2 | 2348.5 | 45.0% | 26.8% | 18.1% | 26.9% | 28.2% |
| Flocculosae | *Salvia chamaedryoides* | 153,639 | 1070.9 | 1526.7 | 44.5% | 27.0% | 17.8% | 26.7% | 28.4% |
| Flocculosae | *Salvia coahuilensis* | 171,222 | 2267 | 2937.3 | 44.9% | 26.8% | 18.0% | 26.8% | 28.3% |
| Flocculosae | *Salvia greggii* | 166,754 | 1504.7 | 2009.2 | 45.4% | 26.6% | 18.2% | 27.1% | 28.0% |
| Fulgentes | *Salvia dichlamys* | 166,817 | 1540.5 | 2148.9 | 45.3% | 26.7% | 18.2% | 27.0% | 28.0% |
| Fulgentes | *Salvia fulgens* | 164,489 | 1259.3 | 1735.7 | 44.7% | 27.0% | 18.0% | 26.7% | 28.2% |
| Fulgentes | *Salvia microphylla* | 168,271 | 1700.6 | 2285.8 | 45.0% | 26.7% | 18.1% | 26.9% | 28.3% |
| Hastatae | *Salvia macrophylla* | 160,893 | 1282.5 | 1930.6 | 44.5% | 26.8% | 17.6% | 26.9% | 28.7% |
| Hastatae | *Salvia scutellarioides* | 163,154 | 1256.1 | 1846.2 | 44.4% | 27.0% | 17.6% | 26.8% | 28.5% |
| Incarnatae | *Salvia cinnabarina* | 162,833 | 1104.8 | 1523.3 | 44.9% | 26.8% | 18.2% | 26.7% | 28.2% |
| Incarnatae | *Salvia elegans* | 165,889 | 1669 | 2251.6 | 45.1% | 26.7% | 18.2% | 26.9% | 28.2% |
| Iodanthae | *Salvia iodantha* | 168,669 | 1567.9 | 2184.6 | 45.3% | 26.8% | 18.2% | 27.0% | 27.9% |
| Lavanduloideae | *Salvia helianthemifolia* | 172,291 | 2034.4 | 3075.6 | 45.4% | 26.7% | 18.1% | 27.3% | 27.8% |
| Lavanduloideae | *Salvia lavanduloides* | 160,155 | 1036.5 | 1470.1 | 45.2% | 26.8% | 18.1% | 27.0% | 28.0% |
| Maxonia | *Salvia chiapensis* | 151,256 | 582.9 | 827.7 | 44.6% | 27.1% | 18.0% | 26.6% | 28.3% |
| Mitratae | *Salvia lasiantha* | 157,898 | 1094.8 | 1717.8 | 45.3% | 26.7% | 18.0% | 27.3% | 27.9% |
| Nobiles | *Salvia disjuncta* | 165,670 | 1395.8 | 1878.6 | 44.8% | 26.7% | 18.1% | 26.7% | 28.4% |
| Nobiles | *Salvia gesneriflora* | 167,363 | 1187.6 | 1564.5 | 44.9% | 26.8% | 18.2% | 26.8% | 28.3% |
| Polystachyae | *Salvia brachyodonta* | 151,891 | 1130.4 | 1573.6 | 44.9% | 27.0% | 18.0% | 27.0% | 28.0% |
| Polystachyae | *Salvia connivens* | 166,357 | 1575.1 | 1996.9 | 45.0% | 26.8% | 18.2% | 26.8% | 28.2% |
| Polystachyae | *Salvia decora* | 159,973 | 976.7 | 1425.4 | 45.6% | 26.6% | 18.5% | 27.1% | 27.7% |
| Polystachyae | *Salvia filipes* | 169,512 | 1782.7 | 2301.1 | 45.4% | 26.6% | 18.4% | 27.0% | 27.9% |
| Polystachyae | *Salvia perblanda* | 162,252 | 1108.9 | 1568.4 | 45.1% | 26.8% | 18.3% | 26.8% | 28.1% |
| Polystachyae | *Salvia plurispicata* | 168,727 | 1706.8 | 2330.8 | 45.2% | 26.8% | 18.2% | 27.0% | 28.0% |
| Polystachyae | *Salvia polystachia_065* | 166,448 | 1629.7 | 2213.5 | 45.3% | 26.7% | 18.3% | 27.0% | 28.0% |
| Polystachyae | *Salvia polystachia_0163* | 174,299 | 2450.7 | 3156.9 | 45.2% | 26.7% | 18.2% | 26.9% | 28.2% |
| Polystachyae | *Salvia purepecha* | 158,927 | 1349.5 | 1910.6 | 45.3% | 26.8% | 18.4% | 26.9% | 27.9% |
| Polystachyae | *Salvia tonaticensis* | 171,847 | 1799.8 | 2475.2 | 45.6% | 26.7% | 18.4% | 27.2% | 27.7% |
| Potiles | *Salvia hispanica19* | 170,540 | 2674.5 | 3699.1 | 45.2% | 26.9% | 18.0% | 27.1% | 27.9% |
| Potiles | *Salvia hispanica10685* | 152,067 | 401.9 | 622.1 | 45.5% | 26.6% | 18.2% | 27.3% | 27.8% |
| Potiles | *Salvia hispanica16* | 153,212 | 978.3 | 1455.3 | 45.4% | 26.7% | 18.2% | 27.2% | 27.9% |
| Purpureae | *Salvia curviflora* | 155,394 | 598.4 | 888.7 | 45.7% | 26.7% | 18.6% | 27.1% | 27.6% |
| Purpureae | *Salvia purpurea103* | 165,856 | 1608.4 | 2078.9 | 45.2% | 26.7% | 18.4% | 26.8% | 28.1% |
| Purpureae | *Salvia purpurea156* | 168,414 | 1691.5 | 2285.6 | 45.3% | 26.7% | 18.3% | 27.0% | 28.0% |
| Purpureae | *Salvia areolata* | 154,198 | 1073.9 | 1456.3 | 44.9% | 27.0% | 18.0% | 26.9% | 28.1% |
| Scorodoniae | *Salvia aequidistans* | 151,691 | 1002.9 | 1382.5 | 44.4% | 27.2% | 17.8% | 26.5% | 28.4% |
| Scorodoniae | *Salvia breviflora* | 149,122 | 241.1 | 360.4 | 44.7% | 27.1% | 17.9% | 26.8% | 28.1% |
| Scorodoniae | *Salvia keerlii* | 164,723 | 2086.8 | 3420.1 | 44.7% | 26.7% | 18.0% | 26.7% | 28.6% |
| Scorodoniae | *Salvia melissodora* | 156,472 | 1304.9 | 1894.3 | 44.5% | 27.0% | 17.8% | 26.7% | 28.5% |
| Scorodoniae | *Salvia occidua* | 151,681 | 545.3 | 762 | 45.1% | 26.7% | 18.0% | 27.1% | 28.1% |
| Scorodoniae | *Salvia ramosa* | 160,374 | 1894.4 | 2543.2 | 44.8% | 26.9% | 18.0% | 26.8% | 28.3% |
| Scorodoniae | *Salvia dugesii* | 150,647 | 494.7 | 729.4 | 44.3% | 27.1% | 17.9% | 26.4% | 28.5% |
| Sigmoideae | *Salvia inconspicua* | 157,691 | 1283.5 | 1844.6 | 45.0% | 26.8% | 17.9% | 27.1% | 28.2% |
| Sigmoideae | *Salvia nepetoides* | 155,126 | 1086.3 | 1613.3 | 45.2% | 26.8% | 18.0% | 27.2% | 27.9% |
| Standleyana | *Salvia cacaliifolia* | 149,978 | 523.2 | 851.9 | 44.4% | 26.9% | 17.6% | 26.7% | 28.7% |
| Uricae | *Salvia amarissima* | 149,910 | 732.3 | 1066.6 | 45.1% | 26.9% | 17.9% | 27.1% | 27.1% |
| Uricae | *Salvia urica* | 157,409 | 1649.3 | 2157.6 | 45.0% | 26.8% | 18.1% | 26.8% | 28.2% |
| Salvia | *Salvia officinalis* | 164,588 | 1323.7 | 1766.5 | 45.1% | 26.6% | 18.3% | 26.8% | 28.3% |
| Salvia | *Salvia sessilifolia* | 162,716 | 1758.8 | 2198.9 | 44.8% | 44.8% | 18.1% | 26.7% | 28.4% |
| Salviastrum | *Salvia texana* | 153,564 | 399 | 664.6 | 44.4% | 26.9% | 17.9% | 26.5% | 28.6% |
| Audibertia | *Salvia brandegeei* | 150,580 | 437.4 | 636.3 | 44.9% | 26.9% | 17.6% | 27.2% | 28.2% |
| Audibertia | *Salvia sonomensis* | 159,581 | 886 | 1204.6 | 44.8% | 26.8% | 17.8% | 26.9% | 28.3% |

Tabla 5. Resumen estadístico del ensamble en Geneious para cada especie, usando como referencia a *Salvia splendens*

| Sección | Especie | Number of assembly reads | Depth mean | Depth Std Dev | GC content (%) | A (%) | C (%) | G (%) | T (%) |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Albolanatae | *Salvia leucantha* | 169,706 | 2438.7 | 2980.1 | 45.0% | 26.7% | 18.3% | 26.7% | 28.3% |
| Angulatae | *Salvia longispicata* | 155,448 | 861.2 | 1288.4 | 45.6% | 26.8% | 18.4% | 27.2% | 27.6% |
| Angulatae | *Salvia roscida* | 151,252 | 746.6 | 1051.1 | 45.0% | 26.9% | 18.4% | 26.7% | 28.1% |
| Angulatae | *Salvia tiliifolia* | 165,959 | 1778.4 | 2588.9 | 46.4% | 26.3% | 18.7% | 27.7% | 27.3% |
| Angulatae | *Salvia rhyacophila* | 148,088 | 434.6 | 674.3 | 44.7% | 27.3% | 17.9% | 26.8% | 28.0% |
| Atratae | *Salvia semiatrata* | 156,981 | 1362.2 | 1860.5 | 44.5% | 27.0% | 17.9% | 26.5% | 28.5% |
| Axillares | *Salvia axillaris* | 153,569 | 660.6 | 1101.2 | 44.9% | 27.0% | 17.9% | 27.0% | 28.1% |
| Biflorae | *Salvia squalens* | 172,265 | 2637.1 | 3537.8 | 45.0% | 26.7% | 18.1% | 26.9% | 28.3% |
| Biflorae | *Salvia tubiflora* | 171,361 | 2358.3 | 2970.7 | 45.0% | 26.7% | 18.2% | 26.8% | 28.3% |
| Blakea | *Salvia patens* | 156,337 | 585.2 | 877.4 | 45.1% | 26.6% | 18.0% | 27.1% | 28.3% |
| Blakea | *Salvia vitifolia* | 159,822 | 711.6 | 1111.4 | 45.6% | 26.3% | 18.2% | 27.4% | 27.4% |
| Brandegeia | *Salvia blepharophylla* | 150,880 | 1162.9 | 1514.9 | 44.7% | 27.0% | 18.0% | 26.8% | 28.3% |
| Briquetia | *Salvia mexicana* | 166,475 | 1936.9 | 2418.1 | 44.8% | 26.8% | 18.1% | 26.7% | 28.4% |
| Cardinales | *Salvia involucrata* | 161,971 | 1188.4 | 1585 | 44.7% | 26.9% | 18.0% | 26.6% | 28.5% |
| Cardinales | *Salvia karwinskii* | 153,892 | 717.3 | 996.9 | 45.0% | 26.8% | 18.2% | 26.8% | 28.2% |
| Cardinales | *Salvia puberula* | 153,698 | 897.4 | 1363.9 | 44.7% | 26.8% | 18.1% | 26.6% | 28.5% |
| Cardinales | *Salvia wagneriana* | 150,314 | 1382.9 | 1981 | 44.8% | 27.1% | 17.9% | 26.9% | 28.1% |
| Cardinales | *Salvia univerticillata* | 158,784 | 1227.8 | 1596.6 | 44.6% | 27.0% | 18.1% | 26.5% | 28.4% |
| Cucullatae | *Salvia clinopodioides* | 157,765 | 528.7 | 744.3 | 45.2% | 26.7% | 18.4% | 26.7% | 28.1% |
| Curtiflorae | *Salvia curtiflora* | 170,880 | 1791.7 | 2285.8 | 45.2% | 26.7% | 18.3% | 26.9% | 28.1% |
| Curtiflorae | *Salvia nervata* | 159,404 | 1527.3 | 2475.9 | 45.4% | 26.7% | 18.2% | 27.2% | 27.9% |
| Curtiflorae | *Salvia longistyla* | 167,016 | 2035.5 | 2831.6 | 45.4% | 26.6% | 18.3% | 27.1% | 28.0% |
| Secundae | *Salvia splendens* | 169,115 | 2025 | 3296.2 | 45.6% | 26.7% | 18.2% | 27.4% | 27.7% |
| Dusenostachys | *Salvia divinorum* | 158,886 | 854.5 | 1119 | 44.5% | 26.9% | 18.0% | 26.5% | 28.5% |
| Dusenostachys | *Salvia madrensis* | 154,979 | 1019.6 | 1364.5 | 44.1% | 27.0% | 17.9% | 26.2% | 28.9% |
| Erythrostachys | *Salvia regla* | 158,583 | 703 | 892.7 | 44.4% | 26.9% | 18.1% | 26.2% | 28.7% |
| Farinaceae | *Salvia azurea* | 151,238 | 1187 | 1749.9 | 45.2% | 27.0% | 18.0% | 27.2% | 27.8% |
| Farinaceae | *Salvia farinacea* | 162,379 | 1424.6 | 1865.1 | 45.0% | 26.7% | 18.2% | 26.7% | 28.3% |
| Flexuosae | *Salvia pauciserrata* | 168,814 | 1864.9 | 2346.6 | 44.9% | 26.8% | 18.2% | 26.8% | 28.3% |
| Flocculosae | *Salvia chamaedryoides* | 153,053 | 1087.4 | 1513.9 | 44.5% | 27.1% | 17.8% | 26.7% | 28.4% |
| Flocculosae | *Salvia coahuilensis* | 171,584 | 2288.2 | 2900.7 | 44.8% | 26.8% | 18.1% | 26.7% | 28.4% |
| Flocculosae | *Salvia greggii* | 166,668 | 1522.4 | 1995.7 | 45.3% | 26.7% | 18.2% | 27.1% | 28.0% |
| Fulgentes | *Salvia dichlamys* | 166,998 | 1562.3 | 2130.8 | 45.2% | 26.8% | 18.2% | 27.0% | 28.0% |
| Fulgentes | *Salvia fulgens* | 164,721 | 1279 | 1724.9 | 44.6% | 27.1% | 18.0% | 26.6% | 28.3% |
| Fulgentes | *Salvia microphylla* | 168,368 | 1721.5 | 2271 | 44.9% | 26.8% | 18.1% | 26.8% | 28.3% |
| Hastatae | *Salvia macrophylla* | 161,363 | 1282.9 | 1909.7 | 44.4% | 26.9% | 17.6% | 17.6% | 28.7% |
| Hastatae | *Salvia scutellarioides* | 163,590 | 1261.1 | 1830.5 | 44.4% | 27.1% | 17.7% | 26.7% | 28.6% |
| Incarnatae | *Salvia cinnabarina* | 162,601 | 1128.1 | 1521.1 | 44.9% | 26.8% | 18.3% | 26.6% | 28.3% |
| Incarnatae | *Salvia elegans* | 165,211 | 1679.3 | 2238.2 | 45.1% | 26.6% | 18.2% | 26.9% | 28.2% |
| Iodanthae | *Salvia iodantha* | 168,601 | 1588.6 | 2159.2 | 45.2% | 26.8% | 18.2% | 27.0% | 28.0% |
| Lavanduloideae | *Salvia helianthemifolia* | 172,679 | 2050.7 | 3023.9 | 45.3% | 26.8% | 18.1% | 27.2% | 27.9% |
| Lavanduloideae | *Salvia lavanduloides* | 160,086 | 1048.8 | 1446.4 | 45.1% | 26.8% | 18.1% | 26.9% | 28.1% |
| Maxonia | *Salvia chiapensis* | 150,244 | 594 | 815.4 | 44.5% | 27.1% | 18.0% | 26.5% | 28.3% |
| Mitratae | *Salvia lasiantha* | 157,463 | 1104.3 | 1680.5 | 45.3% | 26.8% | 18.0% | 27.2% | 28.0% |
| Nobiles | *Salvia disjuncta* | 165,740 | 1410.4 | 1866.4 | 44.8% | 26.7% | 18.2% | 26.6% | 28.5% |
| Nobiles | *Salvia gesneriflora* | 166,498 | 1200.3 | 1549.3 | 44.9% | 26.8% | 18.2% | 26.7% | 28.3% |
| Polystachyae | *Salvia brachyodonta* | 151,145 | 1150.1 | 1548.8 | 44.9% | 27.0% | 18.0% | 26.9% | 28.1% |
| Polystachyae | *Salvia connivens* | 166,368 | 1600.8 | 1985.4 | 44.9% | 26.8% | 18.2% | 26.7% | 28.3% |
| Polystachyae | *Salvia decora* | 159,255 | 996.9 | 1410.8 | 45.5% | 26.7% | 18.5% | 27.0% | 27.8% |
| Polystachyae | *Salvia filipes* | 169,526 | 1807.8 | 2274.8 | 45.4% | 26.6% | 18.4% | 26.9% | 28.0% |
| Polystachyae | *Salvia perblanda* | 161,258 | 1131.4 | 1545.9 | 45.0% | 26.9% | 18.3% | 26.7% | 28.1% |
| Polystachyae | *Salvia plurispicata* | 168,616 | 1735.6 | 2317.4 | 45.1% | 26.8% | 18.2% | 26.9% | 28.0% |

Tabla 5. Continuación.

| | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Polystachyae | *Salvia plurispicata* | 168,616 | 1735.6 | 2317.4 | 45.1% | 26.8% | 18.2% | 26.9% | 28.0% |
| Polystachyae | *Salvia polystachia_065* | 166,839 | 1645.8 | 2180.1 | 45.2% | 26.8% | 18.3% | 26.9% | 28.0% |
| Polystachyae | *Salvia polystachia_0163* | 173,896 | 2480.3 | 3124.5 | 45.1% | 26.7% | 18.3% | 26.8% | 28.2% |
| Polystachyae | *Salvia purepecha* | 158,584 | 1375.8 | 1900.5 | 45.3% | 26.8% | 18.4% | 26.8% | 27.9% |
| Polystachyae | *Salvia tonaticensis* | 171,888 | 1812.9 | 2425.5 | 45.6% | 26.7% | 18.4% | 27.1% | 27.7% |
| Potiles | *Salvia hispanica19* | 149,774 | 1049.5 | 1630.6 | 45.0% | 27.2% | 17.8% | 27.1% | 27.9% |
| Potiles | *Salvia hispanica10685* | 151,544 | 408.6 | 620.6 | 45.5% | 26.7% | 18.2% | 27.2% | 27.8% |
| Potiles | *Salvia hispanica16* | 152,252 | 985.7 | 1428 | 45.4% | 26.7% | 18.2% | 27.1% | 27.9% |
| Purpureae | *Salvia curviflora* | 154,849 | 609 | 872.2 | 45.7% | 26.7% | 18.6% | 27.1% | 27.6% |
| Purpureae | *Salvia purpurea103* | 165,543 | 1634.6 | 2068 | 45.1% | 26.8% | 18.4% | 26.7% | 28.1% |
| Purpureae | *Salvia purpurea156* | 168,416 | 1713.8 | 2261.7 | 45.3% | 26.7% | 18.3% | 27.0% | 28.0% |
| Purpureae | *Salvia areolata* | 152,944 | 1087.4 | 1434.7 | 44.8% | 27.0% | 18.0% | 26.8% | 28.2% |
| Scorodoniae | *Salvia aequidistans* | 150,783 | 1024.8 | 1373.5 | 44.3% | 27.2% | 17.9% | 26.5% | 28.4% |
| Scorodoniae | *Salvia breviflora* | 148,682 | 246.4 | 360.5 | 44.7% | 27.1% | 17.9% | 26.7% | 28.2% |
| Scorodoniae | *Salvia keerlii* | 164,023 | 2092.5 | 3377.7 | 44.6% | 26.8% | 18.0% | 26.6% | 28.6% |
| Scorodoniae | *Salvia melissodora* | 155,618 | 1316 | 1878.1 | 44.5% | 27.0% | 17.8% | 26.7% | 28.5% |
| Scorodoniae | *Salvia occidua* | 150,809 | 555.3 | 757.4 | 45.1% | 26.8% | 18.1% | 27.0% | 28.1% |
| Scorodoniae | *Salvia ramosa* | 159,991 | 1904.7 | 2525.6 | 44.8% | 26.9% | 18.0% | 26.7% | 28.3% |
| Scorodoniae | *Salvia dugesii* | 150,247 | 502.5 | 722.2 | 44.3% | 27.1% | 17.9% | 26.3% | 28.5% |
| Sigmoideae | *Salvia inconspicua* | 157,909 | 1309.2 | 1841.7 | 44.9% | 26.8% | 17.9% | 27.0% | 28.2% |
| Sigmoideae | *Salvia nepetoides* | 154,237 | 1108.2 | 1610.6 | 45.2% | 26.8% | 18.1% | 27.1% | 28.0% |
| Standleyana | *Salvia cacaliifolia* | 150,127 | 524.5 | 848 | 44.3% | 27.0% | 17.6% | 26.7% | 28.7% |
| Uricae | *Salvia amarissima* | 149,098 | 748 | 1067.6 | 45.0% | 45.0% | 18.0% | 27.1% | 28.1% |
| Uricae | *Salvia urica* | 157,007 | 1680.3 | 2140.9 | 44.9% | 26.9% | 18.1% | 26.8% | 28.2% |
| Salvia | *Salvia officinalis* | 165,275 | 1338.5 | 1750.7 | 45.1% | 26.6% | 18.3% | 26.8% | 28.3% |
| Salvia | *Salvia sessilifolia* | 163,060 | 1779.7 | 2184.8 | 44.8% | 26.8% | 18.2% | 26.6% | 28.4% |
| Salviastrum | *Salvia texana* | 153,396 | 407.3 | 664 | 44.4% | 26.9% | 17.9% | 26.5% | 28.7% |
| Audibertia | *Salvia brandegeei* | 150,362 | 441.9 | 633.5 | 44.8% | 26.9% | 17.7% | 27.1% | 28.2% |
| Audibertia | *Salvia sonomensis* | 159,816 | 897.5 | 1198.7 | 44.8% | 26.9% | 17.9% | 26.9% | 28.3% |

Tabla 6. Tabla de resumen estadísticos de los genes utilizados para el árbol de especies de la matriz V con análisis de coalescencASTRAL.

| Alignment_name | No_of_taxa | Aln_length | Total_matrix_cells | Undetermined_characters | Missing_perc | No_variable_sites | Proportion_variable_sites | Parsimony_informative_sites | Prop_pars_inf | AT_content | GC_content | Aln_entropy | trimAl_sct | Locus | Bootstrap | Branch_length | Clocklikeness | P_distance | Satur_slope | Satur_R_sq | LBscore_SD |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 100_modif70.fas | 86 | 8816 | 758176 | 510419 | 67.322 | 1668 | 0.189 | 869 | 0.099 | 0.575 | 0.425 | 0.290951 | 0.945626 | 1 | 0.90820482 | 0.00591456 | 21.8167691 | 0.05160848 | 0.91429913 | 0.71158222 | 24.969982 |
| 102_modif70.fas | 90 | 7714 | 694260 | 384589 | 55.396 | 1192 | 0.155 | 649 | 0.084 | 0.622 | 0.378 | 0.193467 | 0.968329 | 10 | 0.81710714 | 0.00956982 | 34.3447023 | 0.14954867 | 0.63507958 | 0.65453015 | 24.3479741 |
| 105_modif70.fas | 90 | 3611 | 324990 | 48701 | 14.985 | 1320 | 0.366 | 823 | 0.228 | 0.558 | 0.442 | 0.196572 | 0.927847 | 100 | 0.87386747 | 0.00782207 | 11.4660047 | 0.04588009 | 0.70898364 | 0.98320932 | 24.330814 |
| 10_modif70.fas | 87 | 6011 | 522957 | 427199 | 81.689 | 949 | 0.158 | 722 | 0.12 | 0.563 | 0.437 | 0.439678 | 0.694741 | 102 | 0.75375862 | 0.00332548 | 22.9245228 | 0.08371454 | 1.53034407 | 0.38619037 | 24.7890199 |
| 112_modif70.fas | 90 | 2357 | 212130 | 43152 | 20.342 | 751 | 0.319 | 432 | 0.183 | 0.588 | 0.412 | 0.295151 | 0.930528 | 105 | 0.90718391 | 0.00693847 | 20.9000538 | 0.06697438 | 1.14562311 | 0.65413494 | 25.3348339 |
| 116_modif70.fas | 70 | 13000 | 910000 | 596899 | 65.593 | 1820 | 0.14 | 821 | 0.063 | 0.589 | 0.411 | 0.247376 | 0.948328 | 112 | 0.84516092 | 0.00506989 | 17.6363955 | 0.08840591 | 1.99485114 | 0.72862275 | 25.3937506 |
| 117_modif70.fas | 88 | 5612 | 493856 | 64429 | 13.046 | 1820 | 0.324 | 1187 | 0.212 | 0.532 | 0.468 | 0.215503 | 0.904832 | 116 | 0.73237313 | 0.00413488 | 28.5001212 | 0.08887828 | 1.46160608 | 0.41223636 | 19.6472463 |
| 118_modif70.fas | 84 | 30612 | 2571408 | 1562281 | 60.756 | 6039 | 0.197 | 3080 | 0.101 | 0.553 | 0.447 | 0.275224 | 0.943288 | 117 | 0.88492941 | 0.00567081 | 19.4344874 | 0.04438465 | 0.67818335 | 0.98591616 | 23.9349492 |
| 120_modif70.fas | 87 | 2603 | 226461 | 96121 | 42.445 | 843 | 0.324 | 543 | 0.209 | 0.486 | 0.514 | 0.478698 | 0.925809 | 118 | 0.91118519 | 0.00694709 | 22.0323787 | 0.10063652 | 0.75382128 | 0.29076725 | 24.3926218 |
| 127_modif70.fas | 90 | 6843 | 615870 | 417056 | 67.718 | 1691 | 0.247 | 1381 | 0.202 | 0.497 | 0.503 | 0.402291 | 0.869442 | 120 | 0.81196429 | 0.00861667 | 29.6672497 | 0.19718055 | 2.64932632 | 0.38581412 | 24.8498942 |
| 132_modif70.fas | 89 | 7592 | 675688 | 348629 | 51.596 | 1482 | 0.195 | 974 | 0.128 | 0.636 | 0.364 | 0.273168 | 0.94763 | 127 | 0.851 | 0.0110522 | 35.1472276 | 0.22381606 | 0.96127601 | 0.89228136 | 26.124701 |
| 133_modif70.fas | 90 | 6783 | 610470 | 291510 | 47.752 | 1109 | 0.163 | 644 | 0.095 | 0.579 | 0.421 | 0.170719 | 0.97121 | 132 | 0.793 | 0.00402308 | 27.3859415 | 0.1541178 | 1.95882253 | 0.44698396 | 23.9085603 |
| 143_modif70.fas | 83 | 7489 | 621587 | 374712 | 60.283 | 1015 | 0.136 | 611 | 0.082 | 0.562 | 0.438 | 0.297005 | 0.974521 | 133 | 0.71656579 | 0.00351101 | 21.2177627 | 0.07935595 | 1.58870541 | 0.34431205 | 20.4360578 |
| 144_modif70.fas | 89 | 10864 | 966896 | 497600 | 51.464 | 2696 | 0.248 | 1152 | 0.106 | 0.553 | 0.447 | 0.296682 | 0.926344 | 143 | 0.863475 | 0.00384227 | 18.6530292 | 0.02964421 | 0.88714911 | 0.73439819 | 23.3531261 |
| 147_modif70.fas | 89 | 3409 | 303401 | 35152 | 11.586 | 1436 | 0.421 | 875 | 0.257 | 0.551 | 0.449 | 0.300896 | 0.928664 | 144 | 0.85232558 | 0.00509286 | 27.1743818 | 0.12587004 | 1.28725507 | 0.29535377 | 25.3465158 |
| 150_modif70.fas | 89 | 17399 | 1548511 | 815365 | 52.655 | 3608 | 0.207 | 2017 | 0.116 | 0.524 | 0.476 | 0.332783 | 0.946507 | 147 | 0.85823256 | 0.00789274 | 21.3116569 | 0.05203679 | 0.62425241 | 0.88151803 | 25.8360214 |
| 158_modif70.fas | 85 | 4372 | 371620 | 70655 | 19.013 | 1257 | 0.288 | 780 | 0.178 | 0.565 | 0.435 | 0.190531 | 0.926684 | 15 | 0.87634118 | 0.00725855 | 18.462583 | 0.08723988 | 2.02127995 | 0.49038978 | 25.4209261 |
| 159_modif70.fas | 90 | 3885 | 349650 | 207963 | 59.477 | 778 | 0.2 | 424 | 0.109 | 0.58 | 0.42 | 0.188432 | 0.94316 | 150 | 0.84144186 | 0.00615943 | 19.1907872 | 0.15020256 | 1.9148499 | 0.38947739 | 25.4619125 |
| 15_modif70.fas | 88 | 7774 | 684112 | 394272 | 57.633 | 1378 | 0.177 | 883 | 0.114 | 0.537 | 0.463 | 0.419808 | 0.701347 | 158 | 0.88264198 | 0.00528138 | 16.0551732 | 0.06049248 | 2.26101283 | 0.49421621 | 23.5771753 |
| 161_modif70.fas | 77 | 8001 | 616077 | 369639 | 59.999 | 1282 | 0.16 | 586 | 0.073 | 0.614 | 0.386 | 0.29614 | 0.957427 | 159 | 0.79765517 | 0.00608723 | 28.2254761 | 0.03238729 | 0.40732262 | 0.71491719 | 25.7328152 |
| 166_modif70.fas | 79 | 3959 | 312761 | 213392 | 68.228 | 816 | 0.206 | 483 | 0.122 | 0.56 | 0.44 | 0.309095 | 0.917572 | 161 | 0.89239189 | 0.00657066 | 26.8213816 | 0.14806015 | 1.02399804 | 0.13234127 | 22.3718573 |
| 169_modif70.fas | 90 | 2838 | 255420 | 5760 | 2.255 | 862 | 0.304 | 527 | 0.186 | 0.539 | 0.461 | 0.150788 | 0.940487 | 166 | 0.89181579 | 0.00873665 | 19.0545584 | 0.0563271 | 0.8596733 | 0.92474873 | 21.4539504 |
| 173_modif70.fas | 73 | 32457 | 2369361 | 1793773 | 75.707 | 4844 | 0.149 | 2388 | 0.074 | 0.456 | 0.544 | 0.366618 | 0.922301 | 169 | 0.87603448 | 0.00430023 | 18.4548016 | 0.03293001 | 0.73849528 | 0.96973553 | 25.7768199 |
| 18_modif70.fas | 89 | 148529 | 13219081 | 10553756 | 79.837 | 32444 | 0.218 | 17074 | 0.115 | 0.542 | 0.458 | 0.389016 | 0.910601 | 173 | 0.89392857 | 0.00799601 | 28.1671706 | 0.13577382 | 0.78817055 | 0.19107662 | 20.4629542 |
| 1_modif70.fas | 86 | 10565 | 908590 | 503525 | 55.418 | 2035 | 0.193 | 1223 | 0.116 | 0.58 | 0.42 | 0.274887 | 0.927488 | 18 | 0.94798837 | 0.01562989 | 21.0016769 | 0.17835899 | 0.66431764 | 0.49641089 | 25.8360214 |
| 22_modif70.fas | 75 | 5434 | 407550 | 266405 | 65.367 | 780 | 0.144 | 525 | 0.097 | 0.516 | 0.484 | 0.40165 | 0.964408 | 2 | 0.82809195 | 0.00502616 | 25.6165319 | 0.16120368 | 1.91846149 | 0.38158123 | 25.6457403 |
| 2_modif70.fas | 90 | 8847 | 796230 | 415902 | 52.234 | 2112 | 0.239 | 1039 | 0.117 | 0.619 | 0.381 | 0.269197 | 0.945236 | 22 | 0.80658333 | 0.00718429 | 25.2942174 | 0.08993107 | 2.7632301 | 0.40873235 | 21.4255299 |
| 33_modif70.fas | 88 | 6010 | 528880 | 264031 | 49.923 | 1382 | 0.23 | 746 | 0.124 | 0.486 | 0.514 | 0.313659 | 0.936658 | 3 | 0.86368421 | 0.00479187 | 20.7722022 | 0.06707188 | 0.69513263 | 0.06384434 | 21.3510936 |
| 34_modif70.fas | 89 | 8267 | 735763 | 439013 | 59.668 | 1361 | 0.165 | 771 | 0.093 | 0.588 | 0.412 | 0.258302 | 0.962133 | 33 | 0.72669412 | 0.00495324 | 24.3591199 | 0.26453928 | 2.51757662 | 0.5192756 | 24.7278182 |
| 35_modif70.fas | 73 | 9153 | 668169 | 439094 | 65.716 | 1474 | 0.161 | 625 | 0.068 | 0.533 | 0.467 | 0.237694 | 0.960399 | 34 | 0.75198824 | 0.00427417 | 33.210482 | 0.11208556 | 1.70277799 | 0.60361037 | 25.2761914 |
| 38_modif70.fas | 88 | 6683 | 588104 | 218662 | 37.181 | 1726 | 0.258 | 1146 | 0.171 | 0.526 | 0.474 | 0.343254 | 0.917947 | 35 | 0.86787143 | 0.00589713 | 22.5826339 | 0.09179654 | 0.8812067 | 0.27608291 | 20.4174098 |
| 39_modif70.fas | 90 | 8620 | 775800 | 457167 | 58.928 | 1445 | 0.168 | 829 | 0.096 | 0.56 | 0.44 | 0.2587 | 0.961227 | 38 | 0.85712941 | 0.00746046 | 17.5122031 | 0.09502723 | 2.1084819 | 0.40004405 | 25.2430609 |
| 3_modif70.fas | 79 | 4178 | 330062 | 212300 | 64.321 | 601 | 0.144 | 329 | 0.079 | 0.541 | 0.459 | 0.337069 | 0.899016 | 39 | 0.89765517 | 0.00492621 | 22.5319747 | 0.03264022 | 0.63056729 | 0.7770445 | 25.470869 |
| 40_modif70.fas | 87 | 6762 | 588294 | 341688 | 58.081 | 1584 | 0.234 | 893 | 0.132 | 0.591 | 0.409 | 0.33587 | 0.898808 | 4 | 0.78309524 | 0.00817047 | 26.3748108 | 0.20508759 | 2.74813723 | 0.9647506 | 24.5088618 |
| 44_modif70.fas | 79 | 4204 | 332116 | 200145 | 60.264 | 938 | 0.223 | 537 | 0.128 | 0.466 | 0.534 | 0.339353 | 0.941832 | 40 | 0.89061905 | 0.00599263 | 16.4358597 | 0.08472438 | 1.68469378 | 0.59201117 | 25.0117214 |
| 48_modif70.fas | 82 | 6934 | 568588 | 348794 | 61.344 | 848 | 0.122 | 516 | 0.074 | 0.57 | 0.43 | 0.18377 | 0.973863 | 44 | 0.81759211 | 0.00649019 | 19.7263062 | 0.08016642 | 1.28501766 | 0.37848981 | 22.3261359 |
| 49_modif70.fas | 87 | 2617 | 227679 | 75260 | 33.055 | 674 | 0.258 | 418 | 0.16 | 0.534 | 0.466 | 0.32161 | 0.946911 | 48 | 0.85231646 | 0.00408453 | 17.5261718 | 0.02900465 | 0.41557599 | 0.50629329 | 22.7097073 |
| 4_modif70.fas | 87 | 1892 | 164604 | 64839 | 39.391 | 633 | 0.335 | 419 | 0.221 | 0.461 | 0.539 | 0.476175 | 0.911207 | 49 | 0.86064286 | 0.00580673 | 19.5706848 | 0.05135626 | 1.08885578 | 0.44798046 | 24.2262679 |
| 50_modif70.fas | 86 | 6525 | 561150 | 258240 | 46.02 | 1293 | 0.198 | 813 | 0.125 | 0.528 | 0.472 | 0.320757 | 0.913694 | 50 | 0.85220482 | 0.00529639 | 16.1142986 | 0.04396175 | 1.70883844 | 0.34632198 | 23.9778997 |
| 52_modif70.fas | 86 | 3252 | 279672 | 116338 | 41.598 | 826 | 0.254 | 489 | 0.15 | 0.53 | 0.47 | 0.297537 | 0.955455 | 52 | 0.78460241 | 0.00663071 | 13.7136021 | 0.06952136 | 0.73146097 | 0.42068535 | 24.2411505 |
| 55_modif70.fas | 89 | 2940 | 261660 | 88316 | 33.752 | 776 | 0.264 | 493 | 0.168 | 0.471 | 0.529 | 0.269285 | 0.946376 | 55 | 0.88516279 | 0.00612794 | 14.9172851 | 0.05512801 | 1.39165663 | 0.431296 | 25.0372042 |
| 56_modif70.fas | 88 | 3474 | 305712 | 142537 | 46.625 | 689 | 0.198 | 460 | 0.132 | 0.572 | 0.428 | 0.258809 | 0.957175 | 56 | 0.87205952 | 0.00552173 | 19.3358704 | 0.03722699 | 0.98035414 | 0.36178526 | 25.0265872 |
| 57_modif70.fas | 85 | 5362 | 455770 | 235430 | 51.655 | 1068 | 0.199 | 556 | 0.104 | 0.517 | 0.483 | 0.259935 | 0.963316 | 57 | 0.87780488 | 0.00588509 | 18.2635428 | 0.05734455 | 1.04258156 | 0.65328056 | 24.3390673 |
| 58_modif70.fas | 75 | 3472 | 260400 | 160363 | 61.583 | 624 | 0.18 | 388 | 0.112 | 0.498 | 0.502 | 0.408063 | 0.95705 | 58 | 0.77570833 | 0.00717333 | 29.332796 | 0.07468157 | 0.94114675 | 0.19295462 | 21.7944947 |
| 60_modif70.fas | 90 | 2230 | 200700 | 85854 | 42.777 | 731 | 0.328 | 399 | 0.179 | 0.558 | 0.442 | 0.414848 | 0.939343 | 6 | 0.76963529 | 0.00388628 | 20.5165474 | 0.1386351 | 2.94644196 | 0.57186251 | 24.5389853 |
| 62_modif70.fas | 83 | 51838 | 4302554 | 3424895 | 79.601 | 9148 | 0.176 | 4580 | 0.088 | 0.569 | 0.431 | 0.405251 | 0.927587 | 60 | 0.84134483 | 0.00723605 | 18.1464508 | 0.11573012 | 0.59541759 | 0.08856076 | 25.3146023 |
| 63_modif70.fas | 88 | 9252 | 814176 | 343872 | 42.236 | 2012 | 0.217 | 931 | 0.101 | 0.546 | 0.454 | 0.239837 | 0.956048 | 62 | 0.9053625 | 0.01159387 | 21.5530015 | 0.17238919 | 0.82157374 | 0.29084839 | 24.1039416 |
| 65_modif70.fas | 82 | 3941 | 323162 | 147510 | 45.646 | 1326 | 0.336 | 777 | 0.197 | 0.506 | 0.494 | 0.382385 | 0.918844 | 63 | 0.73701176 | 0.00380116 | 31.0717011 | 0.12111279 | 1.40925558 | 0.42062323 | 23.795794 |
| 66_modif70.fas | 72 | 3894 | 280368 | 123183 | 43.936 | 1028 | 0.264 | 580 | 0.149 | 0.476 | 0.524 | 0.402308 | 0.932873 | 65 | 0.84303797 | 0.00756627 | 17.7586777 | 0.04330043 | 0.65257649 | 0.88744361 | 23.5433349 |
| 68_modif70.fas | 79 | 13734 | 1084986 | 831142 | 76.604 | 2447 | 0.178 | 1139 | 0.083 | 0.568 | 0.432 | 0.307 | 0.860658 | 66 | 0.78597101 | 0.00827879 | 26.1753895 | 0.27061307 | 3.58755682 | 0.29781361 | 20.6427954 |
| 69_modif70.fas | 75 | 3698 | 277350 | 183365 | 66.113 | 816 | 0.221 | 473 | 0.128 | 0.454 | 0.546 | 0.467187 | 0.933844 | 68 | 0.82452632 | 0.00884045 | 27.7941048 | 0.11602899 | 0.49404571 | 0.22161132 | 22.4938017 |
| 6_modif70.fas | 90 | 7750 | 697500 | 297358 | 42.632 | 1456 | 0.188 | 752 | 0.097 | 0.584 | 0.416 | 0.258266 | 0.96363 | 69 | 0.80819444 | 0.00855 | 27.2266818 | 0.13690737 | 1.08747965 | 0.05955031 | 21.1555628 |
| 72_modif70.fas | 75 | 31889 | 2391675 | 1781965 | 74.507 | 5163 | 0.162 | 2358 | 0.074 | 0.58 | 0.42 | 0.313157 | 0.932996 | 72 | 0.88063889 | 0.01004415 | 27.1311844 | 0.07434987 | 0.74619458 | 0.32917252 | 21.7944947 |
| 80_modif70.fas | 88 | 4008 | 352264 | 243046 | 68.995 | 933 | 0.233 | 714 | 0.178 | 0.537 | 0.463 | 0.409189 | 0.862609 | 80 | 0.83077647 | 0.0113422 | 32.1872913 | 0.26794997 | 0.86228118 | 0.85762064 | 25.2223446 |
| 83_modif70.fas | 87 | 2933 | 255171 | 95752 | 37.525 | 840 | 0.286 | 480 | 0.164 | 0.493 | 0.507 | 0.406633 | 0.938717 | 83 | 0.80315476 | 0.00801702 | 19.0867273 | 0.07408842 | 1.46958577 | 0.57965016 | 25.1144507 |
| 84_modif70.fas | 88 | 3470 | 305360 | 101335 | 33.185 | 1044 | 0.301 | 634 | 0.183 | 0.492 | 0.508 | 0.417183 | 0.94137 | 84 | 0.91378824 | 0.00666809 | 21.4533548 | 0.13654046 | 2.23596189 | 0.41173049 | 24.9534546 |
| 86_modif70.fas | 85 | 3774 | 320790 | 150385 | 46.88 | 794 | 0.21 | 504 | 0.134 | 0.483 | 0.517 | 0.387697 | 0.945156 | 86 | 0.82734146 | 0.00639599 | 16.0076905 | 0.07943013 | 1.33815055 | 0.38412571 | 23.3981193 |
| 87_modif70.fas | 84 | 5270 | 442680 | 255945 | 57.817 | 1213 | 0.23 | 735 | 0.139 | 0.547 | 0.453 | 0.405689 | 0.945959 | 87 | 0.77391358 | 0.00716697 | 19.4574747 | 0.10046425 | 2.12006705 | 0.26827896 | 24.0386593 |
| 88_modif70.fas | 80 | 3292 | 263360 | 156874 | 59.566 | 888 | 0.27 | 501 | 0.152 | 0.55 | 0.45 | 0.407653 | 0.916809 | 88 | 0.82645455 | 0.00860688 | 19.6007644 | 0.11228591 | 1.52626721 | 0.82467608 | 21.9513847 |
| 89_modif70.fas | 90 | 3352 | 301680 | 126143 | 41.814 | 758 | 0.226 | 475 | 0.142 | 0.55 | 0.45 | 0.264217 | 0.953932 | 89 | 0.83113793 | 0.00567966 | 17.1045994 | 0.05366941 | 1.15389284 | 0.3810987 | 25.7768199 |
| 90_modif70.fas | 90 | 4005 | 360450 | 42088 | 11.677 | 1292 | 0.323 | 873 | 0.218 | 0.524 | 0.476 | 0.0782486 | 0.939776 | 90 | 0.83806897 | 0.00593559 | 20.5890074 | 0.04323228 | 0.66614169 | 0.95608509 | 26.124701 |
| 91_modif70.fas | 86 | 35377 | 3042422 | 1964787 | 64.58 | 5536 | 0.156 | 2884 | 0.082 | 0.568 | 0.432 | 0.340419 | 0.959438 | 91 | 0.90745783 | 0.00644953 | 26.4853175 | 0.07702463 | 0.60171604 | 0.31624794 | 24.7771463 |
| 97_modif70.fas | 86 | 3182 | 273652 | 24701 | 9.026 | 1363 | 0.428 | 844 | 0.265 | 0.552 | 0.448 | 0.225941 | 0.905035 | 97 | 0.87628916 | 0.00833444 | 27.6514117 | 0.05471975 | 0.4366223 | 0.84053438 | 24.969982 |
| 98_modif70.fas | 82 | 3384 | 277488 | 189411 | 68.259 | 485 | 0.143 | 378 | 0.112 | 0.501 | 0.499 | 0.315256 | 0.953496 | 98 | 0.79710127 | 0.00645609 | 31.9686982 | 0.08448175 | 0.6503 | 0.23669339 | 23.0893457 |

Tabla 7. Tabla de resumen estadísticos de los genes utilizados para el árbol de especies de la matriz VI con análisis de coalescencia en ASTRAL.

| Alignment_name | No_of_taxa | Aln_length | Total_matrix_cells | Undetermined_characters | Missing_perc | No_variable_sites | Proportion_variable_sites | Parsimony_informative_sites | Prop_pars_inf | AT_content | GC_content | Aln_entropy | trimAl_sct | Locus | Bootstrap | Branch_length | Clocklikeness | P_distance | Satur_slope | Satur_R_sq | LBscore_SD |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 100_modif70.fas | 80 | 8241 | 659280 | 423658 | 64.261 | 1564 | 0.19 | 558 | 0.068 | 0.575 | 0.425 | 0.306159 | 0.955659 | 1 | 0.89830263 | 0.00516329 | 21.2771107 | 0.03968527 | 0.88262629 | 0.62189327 | 22.9492193 |
| 102_modif70.fas | 80 | 7533 | 602640 | 328404 | 54.494 | 875 | 0.116 | 469 | 0.062 | 0.622 | 0.378 | 0.160124 | 0.976156 | 10 | 0.81909091 | 0.00895108 | 43.9231172 | 0.11383581 | 0.65733192 | 0.76011943 | 21.7574918 |
| 105_modif70.fas | 80 | 3447 | 275760 | 25911 | 9.396 | 1102 | 0.32 | 668 | 0.194 | 0.556 | 0.444 | 0.115294 | 0.942086 | 100 | 0.87711688 | 0.00792758 | 123.601797 | 0.03562798 | 0.65980689 | 0.99127235 | 22.6515152 |
| 10_modif70.fas | 80 | 6137 | 490960 | 399462 | 81.363 | 942 | 0.153 | 673 | 0.11 | 0.562 | 0.438 | 0.398275 | 0.711206 | 102 | 0.70896104 | 0.00268389 | 22.3704053 | 0.06798745 | 1.17163504 | 0.17523437 | 22.0248673 |
| 112_modif70.fas | 80 | 2357 | 188560 | 32113 | 17.031 | 611 | 0.259 | 333 | 0.141 | 0.59 | 0.41 | 0.165349 | 0.940267 | 105 | 0.91023377 | 0.00571185 | 19.9520169 | 0.0375014 | 0.57695443 | 0.90167041 | 23.1559927 |
| 116_modif70.fas | 72 | 13071 | 941112 | 621811 | 66.072 | 1711 | 0.131 | 787 | 0.06 | 0.588 | 0.412 | 0.25272 | 0.95223 | 112 | 0.85398701 | 0.00353229 | 19.0680638 | 0.027847 | 0.76038618 | 0.95636485 | 22.840805 |
| 117_modif70.fas | 80 | 5474 | 437920 | 42962 | 9.81 | 1462 | 0.267 | 972 | 0.178 | 0.531 | 0.469 | 0.0645716 | 0.941211 | 116 | 0.75298551 | 0.00370184 | 24.4839847 | 0.08963965 | 1.56465035 | 0.39949573 | 20.3012523 |
| 118_modif70.fas | 76 | 28959 | 2200884 | 1286809 | 58.468 | 5145 | 0.178 | 2456 | 0.085 | 0.553 | 0.447 | 0.261759 | 0.953694 | 117 | 0.9042987 | 0.00427446 | 19.4293766 | 0.03430488 | 0.72471975 | 0.98115539 | 21.8863578 |
| 120_modif70.fas | 79 | 2603 | 205637 | 84100 | 40.897 | 725 | 0.279 | 487 | 0.187 | 0.483 | 0.517 | 0.393211 | 0.934751 | 118 | 0.93343836 | 0.00592107 | 26.5593277 | 0.09337997 | 0.90529865 | 0.25036054 | 22.0831761 |
| 127_modif70.fas | 80 | 5080 | 406400 | 223246 | 54.933 | 1619 | 0.319 | 1340 | 0.264 | 0.502 | 0.498 | 0.362462 | 0.827393 | 120 | 0.79272368 | 0.00753594 | 22.3541989 | 0.0482188 | 0.48855793 | 0.76776574 | 22.5738357 |
| 132_modif70.fas | 79 | 7592 | 599768 | 312847 | 52.161 | 1274 | 0.168 | 793 | 0.104 | 0.635 | 0.365 | 0.261883 | 0.950528 | 127 | 0.81649351 | 0.0109479 | 36.6251141 | 0.18022866 | 0.97613916 | 0.95499903 | 23.2379001 |
| 133_modif70.fas | 80 | 6780 | 542400 | 256231 | 47.24 | 866 | 0.128 | 379 | 0.056 | 0.579 | 0.421 | 0.14685 | 0.973567 | 132 | 0.7895 | 0.00365921 | 25.8283674 | 0.13866565 | 2.29927431 | 0.44854349 | 20.903691 |
| 143_modif70.fas | 77 | 7487 | 576499 | 344199 | 59.705 | 857 | 0.114 | 509 | 0.068 | 0.562 | 0.438 | 0.232346 | 0.980077 | 133 | 0.69457576 | 0.00269799 | 29.0923462 | 0.06908807 | 2.42728232 | 0.46557833 | 17.0142857 |
| 144_modif70.fas | 79 | 10697 | 845063 | 427070 | 50.537 | 2074 | 0.194 | 897 | 0.084 | 0.554 | 0.446 | 0.271641 | 0.929418 | 143 | 0.86385135 | 0.00314126 | 16.3222965 | 0.02197281 | 0.54450226 | 0.52338466 | 21.6483658 |
| 147_modif70.fas | 80 | 3410 | 272800 | 30203 | 11.071 | 1202 | 0.352 | 697 | 0.204 | 0.55 | 0.45 | 0.273497 | 0.939082 | 144 | 0.82111842 | 0.00405923 | 26.0401405 | 0.11486409 | 1.327225 | 0.22281366 | 21.9254587 |
| 150_modif70.fas | 80 | 17042 | 1363360 | 699054 | 51.274 | 3147 | 0.185 | 1723 | 0.101 | 0.523 | 0.477 | 0.32205 | 0.941562 | 147 | 0.87588312 | 0.00668 | 19.0887171 | 0.04405476 | 0.57228039 | 0.77431686 | 23.2379001 |
| 158_modif70.fas | 80 | 3969 | 317520 | 30461 | 9.593 | 1134 | 0.286 | 681 | 0.172 | 0.565 | 0.435 | 0.0593982 | 0.948482 | 15 | 0.88984416 | 0.00623949 | 18.0360306 | 0.04444954 | 0.54617778 | 0.43818874 | 23.2379001 |
| 159_modif70.fas | 80 | 3884 | 310720 | 183261 | 58.979 | 651 | 0.168 | 323 | 0.083 | 0.579 | 0.421 | 0.164747 | 0.952837 | 150 | 0.82823377 | 0.00511745 | 19.288122 | 0.13905194 | 2.69039905 | 0.4562498 | 23.2379001 |
| 15_modif70.fas | 80 | 5768 | 461440 | 183264 | 39.716 | 1246 | 0.216 | 799 | 0.139 | 0.534 | 0.466 | 0.297386 | 0.952325 | 158 | 0.86394737 | 0.0045465 | 15.6756505 | 0.03161135 | 0.74068151 | 0.96658557 | 22.6478231 |
| 161_modif70.fas | 70 | 8052 | 563640 | 337330 | 59.848 | 1250 | 0.155 | 557 | 0.069 | 0.614 | 0.386 | 0.266242 | 0.954215 | 159 | 0.81977922 | 0.00490764 | 30.8919747 | 0.0217481 | 0.25385139 | 0.38381498 | 22.7204252 |
| 164_modif70.fas | 70 | 51347 | 3594290 | 2776963 | 77.26 | 5709 | 0.111 | 2554 | 0.05 | 0.571 | 0.429 | 0.330596 | 0.938208 | 161 | 0.85983582 | 0.0066692 | 30.9946137 | 0.13843219 | 0.4080391 | 0.02796211 | 20.3510851 |
| 166_modif70.fas | 80 | 3389 | 271120 | 169944 | 62.682 | 737 | 0.217 | 382 | 0.113 | 0.561 | 0.439 | 0.341842 | 0.946034 | 164 | 0.85129851 | 0.00593861 | 25.4785798 | 0.13101103 | 0.5629814 | 0.08540096 | 20.3510851 |
| 169_modif70.fas | 80 | 2838 | 227040 | 2116 | 0.932 | 635 | 0.224 | 380 | 0.134 | 0.541 | 0.459 | 0.0572854 | 0.959999 | 166 | 0.88455844 | 0.00592096 | 17.6211234 | 0.04464384 | 0.96448766 | 0.81649243 | 22.0171251 |
| 173_modif70.fas | 70 | 31555 | 2208850 | 1683182 | 76.202 | 4437 | 0.141 | 2159 | 0.068 | 0.459 | 0.541 | 0.368285 | 0.944777 | 169 | 0.88092208 | 0.00304707 | 16.2484848 | 0.02355695 | 0.75659753 | 0.96864908 | 22.9022379 |
| 18_modif70.fas | 80 | 134091 | 10727280 | 8337048 | 77.718 | 27599 | 0.206 | 14211 | 0.106 | 0.542 | 0.458 | 0.378322 | 0.913854 | 173 | 0.89659701 | 0.00843102 | 23.9837505 | 0.12634301 | 0.99423284 | 0.22805918 | 20.3510851 |
| 1_modif70.fas | 79 | 10457 | 826103 | 446938 | 54.102 | 1770 | 0.169 | 1061 | 0.101 | 0.579 | 0.421 | 0.232413 | 0.91808 | 18 | 0.93449351 | 0.01468306 | 18.3626042 | 0.16464747 | 0.90497459 | 0.48327278 | 23.2379001 |
| 22_modif70.fas | 80 | 3661 | 292880 | 142975 | 48.817 | 759 | 0.207 | 502 | 0.137 | 0.513 | 0.487 | 0.418802 | 0.951692 | 2 | 0.78327273 | 0.00428994 | 26.9947172 | 0.14107888 | 1.79266515 | 0.27427874 | 22.9480391 |
| 23_modif70.fas | 64 | 7858 | 502912 | 321160 | 63.86 | 1185 | 0.151 | 500 | 0.064 | 0.548 | 0.452 | 0.208051 | 0.948668 | 22 | 0.80957143 | 0.00622013 | 18.8834761 | 0.08597193 | 1.16392488 | 0.12724459 | 23.1368213 |
| 2_modif70.fas | 80 | 8825 | 706000 | 376571 | 53.339 | 1781 | 0.202 | 809 | 0.092 | 0.617 | 0.383 | 0.250293 | 0.946058 | 23 | 0.76440984 | 0.00440408 | 26.4032107 | 0.11652344 | 0.98153299 | 0.34111949 | 18.191115 |
| 33_modif70.fas | 78 | 6010 | 468780 | 233046 | 49.713 | 1173 | 0.195 | 646 | 0.107 | 0.485 | 0.515 | 0.303573 | 0.939845 | 3 | 0.83642667 | 0.00453261 | 19.9618332 | 0.06408024 | 0.7228114 | 0.05538604 | 21.2151067 |
| 34_modif70.fas | 79 | 8264 | 652856 | 393089 | 60.211 | 1088 | 0.132 | 672 | 0.081 | 0.585 | 0.415 | 0.243721 | 0.964211 | 33 | 0.70065333 | 0.00429948 | 31.770033 | 0.24775031 | 2.64979922 | 0.56235425 | 21.105163 |
| 35_modif70.fas | 70 | 9393 | 657510 | 439119 | 66.785 | 1200 | 0.128 | 525 | 0.056 | 0.533 | 0.467 | 0.22794 | 0.967657 | 34 | 0.72242667 | 0.00370252 | 31.4974069 | 0.0992089 | 1.65643732 | 0.5854963 | 22.4861023 |
| 38_modif70.fas | 80 | 6617 | 529360 | 181360 | 34.26 | 1550 | 0.234 | 1022 | 0.154 | 0.524 | 0.476 | 0.26015 | 0.933395 | 35 | 0.8641194 | 0.00463161 | 28.8979559 | 0.08653247 | 0.85986154 | 0.12464221 | 19.9558726 |
| 39_modif70.fas | 80 | 8718 | 697440 | 410521 | 58.861 | 1106 | 0.127 | 640 | 0.073 | 0.559 | 0.441 | 0.212517 | 0.967147 | 38 | 0.83298701 | 0.00634108 | 16.086594 | 0.06481337 | 1.14425479 | 0.27371931 | 23.0488611 |
| 3_modif70.fas | 78 | 3901 | 304278 | 187835 | 61.731 | 606 | 0.155 | 312 | 0.08 | 0.54 | 0.46 | 0.331915 | 0.879275 | 39 | 0.89128571 | 0.00341471 | 22.3253226 | 0.02064133 | 0.49630595 | 0.72392035 | 21.8109106 |
| 40_modif70.fas | 78 | 6381 | 497718 | 274127 | 55.077 | 1300 | 0.204 | 715 | 0.112 | 0.592 | 0.408 | 0.316725 | 0.957597 | 4 | 0.80648052 | 0.00767185 | 19.6497242 | 0.1443414 | 1.66520279 | 0.31252272 | 22.5927063 |
| 44_modif70.fas | 79 | 2844 | 224676 | 92705 | 41.262 | 968 | 0.34 | 538 | 0.189 | 0.466 | 0.534 | 0.351931 | 0.909691 | 40 | 0.85784 | 0.00480275 | 19.7404024 | 0.06513688 | 0.87520116 | 0.15354432 | 22.2263992 |
| 48_modif70.fas | 78 | 6936 | 541008 | 330617 | 61.111 | 763 | 0.11 | 452 | 0.065 | 0.569 | 0.431 | 0.177239 | 0.974997 | 44 | 0.83559211 | 0.00702639 | 20.0045041 | 0.04294103 | 0.60190625 | 0.89691603 | 22.2600371 |
| 49_modif70.fas | 80 | 2610 | 208800 | 66591 | 31.892 | 574 | 0.22 | 353 | 0.135 | 0.534 | 0.466 | 0.180839 | 0.956062 | 48 | 0.84904 | 0.00373902 | 17.310001 | 0.02703531 | 0.41577727 | 0.46936994 | 21.6307215 |
| 4_modif70.fas | 80 | 1891 | 151280 | 57172 | 37.792 | 633 | 0.335 | 394 | 0.208 | 0.461 | 0.539 | 0.348197 | 0.909847 | 49 | 0.86174026 | 0.00449287 | 17.5135306 | 0.03590589 | 0.59178932 | 0.38342826 | 22.2015509 |
| 50_modif70.fas | 80 | 6258 | 500640 | 211204 | 42.187 | 1165 | 0.186 | 722 | 0.115 | 0.527 | 0.473 | 0.193664 | 0.961543 | 50 | 0.86122078 | 0.00430223 | 16.725266 | 0.02287319 | 0.55933905 | 0.62224851 | 22.4383826 |
| 52_modif70.fas | 80 | 3263 | 261040 | 106977 | 40.981 | 750 | 0.23 | 416 | 0.127 | 0.529 | 0.471 | 0.215466 | 0.959918 | 52 | 0.76650649 | 0.00589045 | 14.0947154 | 0.06158468 | 0.49761411 | 0.23275501 | 22.4969056 |
| 55_modif70.fas | 80 | 2918 | 233440 | 75813 | 32.476 | 669 | 0.229 | 386 | 0.132 | 0.47 | 0.53 | 0.172971 | 0.956011 | 55 | 0.87354545 | 0.00493268 | 19.1012771 | 0.03475823 | 0.97992862 | 0.65939372 | 22.2007206 |

Tabla 7. Continuación.

| Alignment_name | No_of_taxa | Aln_length | Total_matrix_cells | Undetermined_characters | Missing_perc | No_variable_sites | Proportion_variable_sites | Parsimony_informative_sites | Prop_pars_inf | AT_content | GC_content | Aln_entropy | trimAl_sct | Locus | Bootstrap | Branch_length | Clocklikeness | P_distance | Satur_slope | Satur_R_sq | LBscore_SD |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 56_modif70.fas | 80 | 3474 | 277920 | 126736 | 45.602 | 577 | 0.166 | 373 | 0.107 | 0.572 | 0.428 | 0.104308 | 0.965038 | 56 | 0.82836842 | 0.00418038 | 20.0952542 | 0.02434467 | 0.47680412 | 0.74818456 | 22.5884478 |
| 57_modif70.fas | 80 | 5362 | 428960 | 217043 | 50.597 | 973 | 0.181 | 504 | 0.094 | 0.518 | 0.482 | 0.245053 | 0.965603 | 57 | 0.89401299 | 0.00498548 | 18.4361859 | 0.04494275 | 0.59641251 | 0.4186732 | 22.7712344 |
| 58_modif70.fas | 72 | 3469 | 249768 | 153546 | 61.475 | 598 | 0.172 | 364 | 0.105 | 0.498 | 0.502 | 0.386859 | 0.958004 | 58 | 0.77185507 | 0.00689255 | 29.8775025 | 0.06357356 | 0.68535571 | 0.14137657 | 20.9284495 |
| 59_modif70.fas | 72 | 5687 | 409464 | 287008 | 70.094 | 1165 | 0.205 | 633 | 0.111 | 0.58 | 0.42 | 0.346432 | 0.89963 | 59 | 0.82086957 | 0.00842915 | 20.8790324 | 0.11473227 | 0.49368252 | 0.41819258 | 20.9284495 |
| 60_modif70.fas | 80 | 2230 | 178400 | 72996 | 40.917 | 629 | 0.282 | 329 | 0.148 | 0.557 | 0.443 | 0.410994 | 0.948021 | 6 | 0.73941333 | 0.00296554 | 19.4027957 | 0.11694649 | 3.50343522 | 0.57989212 | 22.2448828 |
| 62_modif70.fas | 76 | 47355 | 3598980 | 2810710 | 78.097 | 7987 | 0.169 | 4038 | 0.085 | 0.569 | 0.431 | 0.404113 | 0.919197 | 60 | 0.83911688 | 0.00589975 | 22.0292291 | 0.10043146 | 0.75780609 | 0.02871396 | 22.5034983 |
| 63_modif70.fas | 80 | 9259 | 740720 | 311775 | 42.091 | 1486 | 0.16 | 738 | 0.08 | 0.546 | 0.454 | 0.207217 | 0.972816 | 62 | 0.88734247 | 0.01150644 | 23.2667019 | 0.16580766 | 0.66693462 | 0.17649231 | 22.0831761 |
| 65_modif70.fas | 80 | 5242 | 419360 | 249222 | 59.429 | 1188 | 0.227 | 660 | 0.126 | 0.505 | 0.495 | 0.39032 | 0.947639 | 63 | 0.71766234 | 0.00263815 | 26.2572405 | 0.10822632 | 1.32333725 | 0.29118438 | 21.820383 |
| 66_modif70.fas | 72 | 3894 | 280368 | 123183 | 43.936 | 1014 | 0.26 | 580 | 0.149 | 0.476 | 0.524 | 0.403683 | 0.934894 | 65 | 0.83390909 | 0.00653172 | 20.7458154 | 0.08765531 | 1.45797215 | 0.28600142 | 22.8709609 |
| 68_modif70.fas | 72 | 13705 | 986760 | 754758 | 76.489 | 1885 | 0.138 | 779 | 0.057 | 0.567 | 0.433 | 0.270905 | 0.875247 | 66 | 0.78252174 | 0.00825241 | 21.6362055 | 0.27059943 | 3.67013293 | 0.30966374 | 20.5602097 |
| 69_modif70.fas | 73 | 4215 | 307695 | 216022 | 70.207 | 735 | 0.174 | 398 | 0.094 | 0.453 | 0.547 | 0.488924 | 0.890539 | 68 | 0.78830435 | 0.00725106 | 28.7333046 | 0.10943365 | 0.58038854 | 0.18481851 | 20.4993225 |
| 6_modif70.fas | 80 | 7737 | 618960 | 255371 | 41.258 | 1247 | 0.161 | 554 | 0.072 | 0.585 | 0.415 | 0.23244 | 0.965515 | 69 | 0.81134286 | 0.00753448 | 19.0956054 | 0.10202591 | 2.09450184 | 0.19446602 | 20.1153069 |
| 72_modif70.fas | 77 | 28955 | 2229535 | 1610964 | 72.256 | 4923 | 0.17 | 2284 | 0.079 | 0.58 | 0.42 | 0.308581 | 0.92421 | 72 | 0.82906757 | 0.00946914 | 27.3859009 | 0.07179273 | 0.58624929 | 0.22554327 | 22.3718573 |
| 77_modif70.fas | 77 | 5754 | 443058 | 243809 | 55.029 | 999 | 0.174 | 555 | 0.096 | 0.569 | 0.431 | 0.185462 | 0.962075 | 77 | 0.87032432 | 0.00423974 | 18.3532925 | 0.02900802 | 0.68997581 | 0.69453204 | 21.3074923 |
| 80_modif70.fas | 80 | 3981 | 318480 | 214817 | 67.451 | 906 | 0.228 | 703 | 0.177 | 0.54 | 0.46 | 0.335745 | 0.857 | 80 | 0.83396104 | 0.01032236 | 27.5756195 | 0.24191708 | 0.88037873 | 0.96924423 | 22.9357799 |
| 83_modif70.fas | 80 | 3015 | 241200 | 88539 | 36.708 | 748 | 0.248 | 434 | 0.144 | 0.492 | 0.508 | 0.316846 | 0.948584 | 83 | 0.81955844 | 0.00645541 | 13.6991384 | 0.05074581 | 0.98025003 | 0.61471707 | 22.8571652 |
| 84_modif70.fas | 80 | 3471 | 277680 | 87756 | 31.603 | 890 | 0.256 | 534 | 0.154 | 0.491 | 0.509 | 0.349537 | 0.953725 | 84 | 0.88937662 | 0.00548943 | 24.2991372 | 0.08843859 | 1.2404853 | 0.11318513 | 23.1159844 |
| 86_modif70.fas | 79 | 3749 | 296171 | 134749 | 45.497 | 719 | 0.192 | 446 | 0.119 | 0.481 | 0.519 | 0.2885 | 0.95846 | 86 | 0.81486842 | 0.00566148 | 15.7084381 | 0.05593358 | 0.6894491 | 0.2331915 | 21.3651884 |
| 87_modif70.fas | 80 | 5251 | 420080 | 241727 | 57.543 | 1097 | 0.209 | 646 | 0.123 | 0.546 | 0.454 | 0.358137 | 0.952726 | 87 | 0.80346753 | 0.00624306 | 20.1723061 | 0.08101877 | 1.5677018 | 0.22176107 | 22.3769632 |
| 88_modif70.fas | 71 | 3290 | 233590 | 134946 | 57.77 | 652 | 0.198 | 320 | 0.097 | 0.553 | 0.447 | 0.322372 | 0.94478 | 88 | 0.84933824 | 0.00584705 | 17.3765972 | 0.04841641 | 0.60106097 | 0.22737281 | 19.8133544 |
| 89_modif70.fas | 80 | 3351 | 268080 | 109186 | 40.729 | 605 | 0.181 | 386 | 0.115 | 0.55 | 0.45 | 0.158468 | 0.961585 | 89 | 0.83036364 | 0.00415471 | 14.7726039 | 0.03375375 | 0.65926868 | 0.67594511 | 22.8650935 |
| 90_modif70.fas | 80 | 4005 | 320400 | 37470 | 11.695 | 1049 | 0.262 | 697 | 0.174 | 0.524 | 0.476 | 0.0685584 | 0.948232 | 90 | 0.83192208 | 0.00493306 | 20.1656115 | 0.0353383 | 0.6167806 | 0.89932692 | 23.2379001 |
| 91_modif70.fas | 79 | 35291 | 2787989 | 1790066 | 64.206 | 4775 | 0.135 | 2586 | 0.073 | 0.569 | 0.431 | 0.327666 | 0.963396 | 91 | 0.90678947 | 0.00566232 | 27.0542905 | 0.07229501 | 0.68417442 | 0.28297122 | 22.9492193 |
| 97_modif70.fas | 80 | 3147 | 251760 | 19180 | 7.618 | 1225 | 0.389 | 744 | 0.236 | 0.551 | 0.449 | 0.208848 | 0.924822 | 97 | 0.88119481 | 0.00773694 | 28.0035887 | 0.04922952 | 0.42575442 | 0.81825686 | 22.9240594 |
| 98_modif70.fas | 80 | 3141 | 251280 | 164923 | 65.633 | 455 | 0.145 | 339 | 0.108 | 0.501 | 0.499 | 0.343176 | 0.952858 | 98 | 0.77985714 | 0.00601975 | 27.601817 | 0.07903316 | 0.61052149 | 0.23228809 | 22.4485875 |
| 99_modif70.fas | 63 | 3843 | 242109 | 162341 | 67.053 | 581 | 0.151 | 290 | 0.075 | 0.484 | 0.516 | 0.317376 | 0.963184 | 99 | 0.78133333 | 0.00817122 | 25.7374568 | 0.04536843 | 0.57769564 | 0.33112699 | 18.3303028 |