



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE QUERÉTARO

FACULTAD DE QUÍMICA

**“CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE EJEMPLARES
DEL GÉNERO *Tagetes* Y ELABORACIÓN DE SU ÁRBOL
FILOGENÉTICO.”**

TESIS

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE

LICENCIADO EN BIOTECNOLOGÍA

PRESENTA

ALFONSO MEMBRILLA OCHOA

DIRIGIDA POR

Dr. ANDRÉS CRUZ HERNÁNDEZ

SANTIAGO DE QUERÉTARO, QUERÉTARO, 2013



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE QUERÉTARO

FACULTAD DE QUÍMICA

**“CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE
EJEMPLARES DEL GÉNERO *Tagetes* Y ELABORACIÓN
DE SU ÁRBOL FILOGENÉTICO.”**

TESIS

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE

LICENCIADO EN BIOTECNOLOGÍA

PRESENTA

ALFONSO MEMBRILLA OCHOA

DIRIGIDA POR

Dr. ANDRÉS CRUZ HERNÁNDEZ

SINODALES

Dr. ANDRÉS CRUZ HERNÁNDEZ
DIRECTOR

Dr. SERGIO DE JESÚS ROMERO GÓMEZ
SINODAL

Dr. RAMÓN ALVAR MARTÍNEZ PENICHE
SINODAL

Dr. RAMÓN GERARDO GUEVARA GONZÁLEZ
SINODAL

ÍNDICE GENERAL

Contenido

Página

ÍNDICE GENERAL	i
ÍNDICE DE CUADROS	iv
ÍNDICE DE FIGURAS	v
RESUMEN	
1. ANTECEDENTES	1
1.1. Biodiversidad.	1
1.2. Filogenia y variabilidad genética.	1
1.3. Sistemática molecular.	1
1.3.1. Marcadores moleculares.	2
1.3.1.1. Polimorfismo en el tamaño de los fragmentos de restricción (Marcadores RFLP por sus siglas en inglés).	3
1.3.1.2. Polimorfismo de la longitud de los fragmentos amplificados (Marcadores AFLP por sus siglas en inglés)	4
1.3.1.3. Espaciadores transcritos internos (Marcadores ITS por sus siglas en inglés).	4
1.3.1.4. ADN polimórfico amplificado al azar (Marcadores RAPD por sus siglas en inglés).	5
1.3.1.5. Microsatélites (ISSR por sus siglas en inglés).	6
1.4. Género <i>Tagetes</i> como modelo de estudio.	7
1.4.1. Clasificación taxonómica y distribución geográfica.	8
1.4.2. Características morfológicas del género <i>Tagetes</i> .	8
1.4.3. Contexto histórico e importancia del género <i>Tagetes</i> .	13
1.4.4. Producción.	14
2. HIPÓTESIS	15
3. OBJETIVOS	16
3.1. Objetivo general.	16
3.2. Objetivos específicos.	16

4. METODOLOGÍA	17
4.1. Materiales.	17
4.2. Métodos.	23
4.2.1. Extracción de ADN.	23
4.2.2. Determinación de la concentración de ADN.	23
4.2.3. Determinación de la pureza de ADN.	24
4.2.4. Análisis de ITS.	24
4.2.4.1. Amplificación.	24
4.2.4.2. Visualización de fragmentos amplificados.	25
4.2.4.3. Secuenciación.	25
4.2.4.4. Alineamiento de secuencias y determinación de la distancia genética.	26
4.2.5. Análisis de ISSR.	26
4.2.5.1. Amplificación.	26
4.2.5.2. Visualización de fragmentos amplificados.	27
4.2.5.3. Análisis de agrupamiento.	28
4.2.6. Análisis de RAPD.	28
4.2.6.1. Amplificación.	28
4.2.6.2. Visualización de fragmentos amplificados.	29
4.2.6.3. Análisis de agrupamiento.	29
5. RESULTADOS.	30
5.1. Extracción de ADN de individuos del género <i>Tagetes</i> .	30
5.2. Resultados del análisis de ITS.	31
5.3. Dendogramas basados en marcadores ITS.	35
5.4. Matriz de divergencia genética para los marcadores ITS.	39
5.5. Resultados del análisis de ISSR (microsatélites).	41
5.6. Matriz de cero y uno para los marcadores ISSR.	42
5.7. Dendogramas basados en marcadores ISSR.	43
5.8. Resultados del análisis de RAPD.	49
6. DISCUSIÓN.	52
7. CONCLUSIONES.	62
8. REFERENCIAS.	63
ANEXOS.	68

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro

Página

1. Especies del género <i>Tagetes</i> localizadas en México (Serrato, 2010).	9
2. Clasificación taxonómica del género <i>Tagetes</i> obtenida del Sistema Integrado de Información Taxonómica (SIIT 2012).	9
3. Características morfológicas de algunas especies del género <i>Tagetes</i> . (CONABIO, 2012; Serrato, 2010).	10
4. Ejemplares del género <i>Tagetes</i> que componen el conjunto de muestras proporcionadas por el Dr. Miguel Ángel Serrato Cruz.	17
5. Individuos de <i>Tagetes</i> empleados en el análisis ITS con claves de identificación.	18
6. Individuos de <i>Tagetes</i> híbridos empleados en el análisis ITS con claves de identificación.	18
7 Mezcla de reacción de PCR (50 µL) para la amplificación de ITS.	25
8 Condiciones de PCR usadas para la amplificación de los ITS.	25
9 Mezcla de reacción de PCR (26 µL) para la amplificación de ISSR.	27
10. Condiciones de PCR para la amplificación de ISSR.	27
11 Mezcla de reacción de PCR (25 µL) para la amplificación de RAPD.	28
12. Condiciones de PCR para la amplificación de RAPD.	29
13. Individuos del género <i>Tagetes</i> , cuyas secuencias de ITS fueron admitidas en la base de datos Genbank del NCBI.	32
14. Individuos del género <i>Tagetes</i> y tamaño de sus secuencias ITS.	33
15. Individuos híbridos de diferentes especies del género <i>Tagetes</i> y tamaño de sus secuencias ITS.	
16. Resultados de la comparación de las secuencias ITS obtenidas, con secuencias similares en Genbank, utilizando el programa BLAST.	34
17. Correspondencia entre los números en las fotos de ISSR y sus respectivas especies.	41
18. Correspondencia entre los números en la fotos de RAPD y sus respectivas especies.	49

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura

Página

1. Esquema que describe los marcadores ITS y la comparación entre secuencias ITS de diferentes organismos.	5
2. Esquema que describe los marcadores ISSR y la comparación entre patrones ISSR de 2 organismos diferentes.	6
3. Fotografías de ejemplares del género <i>Tagetes</i> (CONABIO, 2012).	11
4. Fotografías de ejemplares del género <i>Tagetes</i> (CONABIO, 2012).	12
5. Ejemplares de <i>T. coronopifolia</i> , <i>T. erecta</i> , <i>T. filifolia</i> y <i>T. foetidissima</i> .	19
6. Ejemplares de <i>T. lunulata</i> , <i>T. micrantha</i> , <i>T. moorei</i> y <i>T. multiflora</i> .	20
7. Ejemplares de <i>T. parryi</i> , <i>T. patula</i> y <i>T. terniflora</i> .	21
8. Fotografías que muestran 4 de los ejemplares híbridos de <i>Tagetes</i> .	22
9. Gel de agarosa 1% que muestra la presencia de ADN genómico.	30
10. Gel de agarosa 1% que muestra la presencia de fragmentos ITS	32
11. Dendograma que muestra las asociaciones entre individuos híbridos del género <i>Tagetes</i> .	35
12. Dendograma que muestra las asociaciones entre individuos de diferentes especies del género <i>Tagetes</i> .	36
13. Dendograma que muestra la relación entre 4 especies del género <i>Tagetes</i> basándose en caracteres morfológicos.	39
14. Matriz de divergencia genética para los marcadores ITS.	40
15. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador ISSR 5´GATA	41
16. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador ISSR 5´GACA.	42
17. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador ISSR 5´TCC.	42
18. Dendograma del cebador 3: 5´GATA.	44
19. Dendograma del cebador 4: 5´GACA.	45
20. Dendograma del cebador 6: 5´TCC	46

21. Gráfico de PCA que muestra el agrupamiento de diferentes individuos del género <i>Tagetes</i> , en base al patrón de bandas generado por los cebadores ISSR.	47
22. Gráfico de PCA que muestra el comportamiento de las bandas producidas por los 3 cebadores de ISSR utilizados.	48
23. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador OPM4: 5´ GGCGGTTGTC.	50
24. Gráfico de PCA que muestra el comportamiento de las bandas producidas por el cebador OPM 4	50
25. Árbol filogenético obtenido con el cebador OPM4: 5´ GGCGGTTGTC	51

RESUMEN

El género *Tagetes* es originario de México, y se distribuye desde el suroeste de Estados Unidos hasta el sur de Argentina. La especie más reconocida del género es *T. erecta* o Cempoalxóchitl, tiene importancia cultural en México dónde es utilizada como planta de ornato en rituales religiosos, para tratar enfermedades estomacales, como aditivo alimentario de aves de corral y peces para mejorar su pigmentación y hacerlos más atractivos para el consumidor. Otros ejemplares del género como *T. patula* y *T. minuta* tienen potencial como pesticidas y para usos medicinales. Ya que la clasificación taxonómica actual del género *Tagetes* es confusa y compleja, se requiere una nueva forma de clasificar a las especies de este género usando técnicas moleculares. En este trabajo se identificaron ejemplares del género *Tagetes* utilizando análisis de marcadores moleculares ITS, RAPD e ISSR. Estas técnicas ya han permitido determinar las relaciones genéticas de otras especies como zarzamora, durazno, mango y olivos entre otras. Los amplicones obtenidos se compararon para establecer la relación genética de los ejemplares analizados. Se elaboraron 2 dendogramas utilizando marcadores ITS, que muestran las relaciones de parentesco entre 35 individuos del género *Tagetes* y posibles eventos de radiación adaptativa a lo largo del continente americano. También se utilizaron marcadores ISSR y RAPD, que permitieron elaborar 4 dendogramas distintos y que muestran una baja tasa de mutabilidad en dichos marcadores, lo cual puede indicar que las especies del género *Tagetes* divergieron hace relativamente poco tiempo. Con el uso de sistemática molecular se pudieron identificar molecularmente algunas de las especies que conforman al género *Tagetes*.

1. ANTECEDENTES.

1.1. Biodiversidad.

Según la Convención de Diversidad Biológica, la biodiversidad se define como la variabilidad que hay entre los organismos vivos incluyendo el medio en el que se originan el cual puede ser terrestre, marino o aéreo, así como los complejos ecológicos de los cuáles forman parte. La biodiversidad determina la forma en que las poblaciones de organismos vivos interactúan entre sí, con su ambiente, y la forma en que evolucionan y persisten a través del tiempo (Tilman y Knops, 2006). En México se han generado multitud de especies y variedades de géneros debido a su gran extensión territorial y climas heterogéneos, ubicándose como uno de los países con mayor diversidad de plantas, reptiles y mamíferos (Mittermeier y Goettsch, 1992).

1.2. Filogenia y variabilidad genética.

La variabilidad genética se refiere a las variaciones que se presentan en el genoma de los organismos, entre individuos de una misma población o entre diferentes especies y son resultado de su interacción con el medio ambiente. Consisten en la sustitución, eliminación o adición de uno o más nucleótidos en su genoma. Dichas mutaciones pueden producir nuevos fenotipos en los individuos de una población y llevar a la formación de nuevas especies. El estudio de este tipo de mutaciones producidas a través del tiempo en la historia de las especies es conocido como filogenia, y su investigación produce una secuencia ramificada del cambio de caracteres en los organismos a través del tiempo, el cual se conoce como árbol filogenético (Sunnucks, 2000).

1.3. Sistemática molecular.

La sistemática molecular trata de comprender el origen y diversificación de la vida a partir de la información contenida en la molécula del ADN. Este objetivo se construye en torno a dos postulados básicos, que la vida en la tierra tiene un origen común y que los organismos contienen caracteres heredables potencialmente informativos de su historia evolutiva (Swofford y Olsen, 1990). Las especies cuentan con un código evolutivo, que se refiere a las contingencias

históricas y biológicas que han sufrido las entidades taxonómicas después de su origen común (Limpscom, 1998).

El estudio filogenético del código evolutivo presenta varios retos, pues el código evolutivo solo puede asociarse entre organismos taxonómicamente relacionados y el muestreo de material genético que podemos hacer es limitado, debido a la gran cantidad de organismos y poblaciones que existen en el planeta ya que no podemos acceder al material genético de organismos ya extintos. Para poder resolver estos inconvenientes, la sistemática molecular ha producido análisis estadísticos e informáticos con los cuales se pueden asociar las diferencias genéticas de distintos organismos, con los eventos del código evolutivo y la divergencia de las especies. Además hace uso de técnicas que emplean marcadores moleculares con el objetivo de conseguir la estructura genética de las poblaciones, la delimitación de especies y la inferencia filogenética (Ornelas y col, 2013).

1.3.1. Marcadores moleculares.

Todos los organismos presentan características que pueden ser genéticas o fenotípicas que permiten diferenciarlos y etiquetarlos. Dichas características reciben el nombre de marcadores. Desde el inicio de la agricultura y la domesticación de animales, los humanos han hecho uso de los caracteres morfológicos (características asociadas a la apariencia del organismo como son el tamaño de las hojas, forma de las flores, color del pelaje, número de dientes, etc.) para hacer una crianza selectiva de diferentes organismos con características más útiles para las actividades humanas, ya sea agricultura, ganadería, cacería, etc. También se ha hecho uso de marcadores bioquímicos como enzimas, metabolitos secundarios o proteínas que son únicas en un tejido u organismo y pueden permitir la identificación de individuos. Sin embargo el uso de marcadores fenotípicos (morfológicos y bioquímicos) presenta algunos problemas, pues su manifestación se ve muy influenciada por el entorno o por un estadio particular del desarrollo de un organismo, por lo cual pueden variar de acuerdo a la edad y efectos del medio ambiente. Un ejemplo de esto es la taxonomía de los gusanos de tierra, que poseen limitadas características morfológicas que hacen difícil su identificación, además de que su hábitat tan

similar ha producido altos grados de homoplasia (Novo y col., 2012). Debido a este tipo de casos, se empezó a utilizar marcadores moleculares en la identificación de organismos. Los marcadores moleculares son secuencias de nucleótidos al interior del genoma de un organismo, las cuales se repiten en todos los individuos de una especie y en todas las formas de vida, presentan suficientes variaciones entre individuos o grupos de individuos y permiten una clasificación coherente (Campos y col., 2012). A continuación se describen algunas de las técnicas de marcadores moleculares que se han utilizado en los últimos años.

1.3.1.1. Polimorfismo en el tamaño de los fragmentos de restricción (Marcadores RFLP por sus siglas en inglés).

En esta técnica el ADN es digerido por diferentes enzimas de restricción (nucleasas) y los fragmentos resultantes son separados de acuerdo a su tamaño mediante electroforesis. De esta manera se elabora un mapa de restricción donde se comparan el tamaño de los fragmentos de ADN y los sitios de corte de las enzimas de restricción, producidos en el genoma de diferentes especies. Por lo regular, las especies relacionadas presentan fragmentos y sitios de corte similares. Su uso se recomienda en el análisis del ADN mitocondrial y de cloroplasto debido a que es más pequeño y cualquier mutación puede alterar significativamente el patrón de bandas identificable por electroforesis. El análisis RFLP del ADN cromosómico es mucho más complejo debido al tamaño del mismo. El análisis RFLP fue la primera técnica de análisis genético de bajo costo que permitió el análisis de huellas genéticas, mapeo genético, análisis de desórdenes genéticos y pruebas parentales. Fue utilizada para la elaboración de mapas de restricción en variedades de maíz, tomate, papa y arroz con el fin de ayudar a la generación de nuevas variedades de estas especies (Ritter y col., 1990), también ha sido utilizada para la identificación de especies de *Arcobacter* spp (Figueras y col., 2012), y como método de diagnóstico para detectar especies infecciosas de *Cryptosporidium* (Cheun y col., 2013).

1.3.1.2. Polimorfismo de la longitud de los fragmentos amplificados (Marcadores AFLP por sus siglas en inglés).

La técnica AFLP permite la detección de polimorfismos mediante la amplificación de fragmentos de ADN (usando la técnica de reacción en cadena de la polimerasa o PCR por sus siglas en inglés) obtenidos a través de la digestión del genoma usando enzimas de restricción. Es similar a RFLP, la diferencia está que en AFLP los fragmentos producidos se unen a iniciadores complementarios a la secuencia donde corta la enzima de restricción y son amplificados mediante la técnica de PCR, con lo cual se pueden generar muchos marcadores moleculares específicos, en una sola reacción. Para poder visualizar los marcadores AFLP, es necesario el uso de geles de poliacrilamida de alta resolución, dada la cantidad de marcadores generados. La técnica de AFLP ha sido utilizada en análisis filogenéticos de ejemplares del género *Salix* y para estudiar la huella genética de variedades de girasol, cultivares de manzana, y maní (Goulao y col., 2001). En los últimos años ha habido intentos de mejorar la eficacia y uso de esta técnica buscando las regiones en el genoma donde se encuentran los AFLP con mayor frecuencia (Caballero y col., 2013) así como reducir costos utilizando cebadores para regiones de corte, que están unidos a sondas fluorescentes que faciliten la detección de AFLPs (Blignaut y col., 2013).

1.3.1.3. Espaciadores transcritos internos (Marcadores ITS por sus siglas en inglés).

Los marcadores ITS son regiones de ADN que se encuentran entre los segmentos del gen codificante para el ribosoma 35S. Estos segmentos son: 18S, 5.8S y 26S y en medio de ellos se encuentran las secuencias ITS1 e ITS2, que son no codificantes como se muestra en la figura 1. Las secuencias ITS1 e ITS2 de diferentes especies o variedades son aisladas y amplificadas mediante la técnica de PCR. Los amplicones obtenidos son secuenciados y posteriormente analizados para elaborar un mapa filogenético de los ejemplares estudiados.

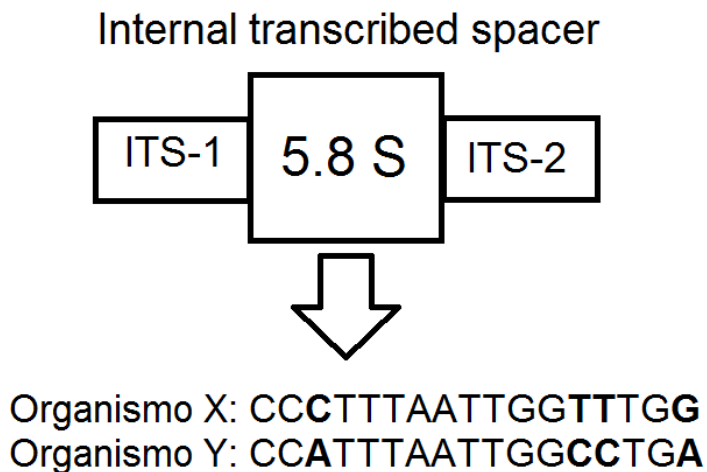


Figura 1. Esquema que describe los marcadores ITS y la comparación entre secuencias ITS de diferentes organismos.

Los marcadores tipo ITS han sido utilizados para elaborar la filogenia de varias especies y géneros como *Guizotia*, *Cheirolophus*, *Ericameria* y la tribu *Tageteae*, entre otros (Roberts y Urbatsch, 2003; Loockerman y col., 2003; Susanna y col., 1999; Bekele y col., 2007). Los ITS también han sido utilizados para la identificación de especies de Dinoflagelados (Stern y col., 2012) y son propuestos como un marcador universal para la identificación de hongos (Schoch y col. 2012).

1.3.1.4. ADN polimórfico amplificado al azar (Marcadores RAPD por sus siglas en inglés).

Es una técnica de PCR que emplea pequeños iniciadores de secuencias aleatorias con un contenido de guanina y citosina mayor al 50%. Los iniciadores RAPD amplifican diferentes segmentos al azar dentro del genoma, al adherirse al ADN molde. Para que la amplificación sea exitosa, la secuencia del sitio blanco debe encontrarse a ambos lados de la doble cadena de ADN, y en polaridad opuesta a una distancia de 50 a 6000 pares de bases (Valadez y Kahl, 2000). También pueden ser utilizados para determinar la similitud genética de plantas producidas mediante cultivo de tejidos, como es el caso de la especie *C. borivillianum*, una planta usada en la producción de corticosteroides (Zahid y col., 2012) y de la calabaza espinosa *Momordica dioica*, otra planta asiática,

comestible y medicinal, que puede tener un importante uso en la industria farmacéutica (Kumar y col., 2012).

1.3.1.5. Microsatélites (ISSR por sus siglas en inglés).

Los ISSR son secuencias cortas, de 2 a 10 pares de bases que se encuentran en serie y repetidas a lo largo de un genoma. Son secuencias altamente variables en el número de las unidades que las integran, lo que hace que su análisis sea extremadamente útil en la búsqueda de polimorfismos. Esta técnica, también conocida como MP-PCR consiste en usar iniciadores complementarios a microsatélites específicos, los cuales son amplificados mediante la técnica de PCR, como se muestra en la figura 2. Los amplicones obtenidos pueden ser utilizados para la diferenciación de individuos y la identificación de variedades de una misma especie. (Valadez y Kahl, 2000).

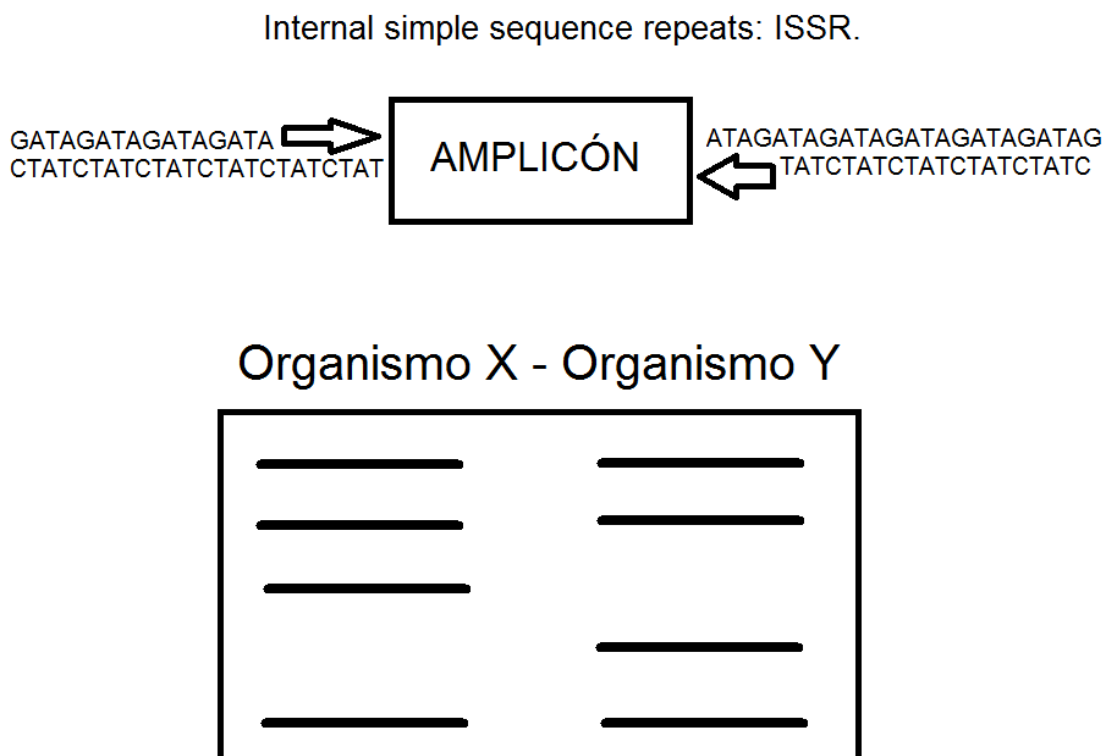


Figura 2. Esquema que describe los marcadores ISSR y la comparación entre patrones ISSR de 2 organismos diferentes.

Su uso también es muy importante en programas de conservación de especies en peligro de extinción, como la hierba Neera-Brahmi (*Bacopa monnieri*), la cual

es una planta medicinal muy importante en India, y cuya sobre-explotación ha llevado a la necesidad de identificar adecuadamente, los materiales silvestres que aún existen, mediante el uso de marcadores microsatélites (Tripathi y col., 2012). También han sido utilizados para determinar la diversidad de la especie *Thuja sutchuenensis*, una conífera china de mucho valor por su madera y que fue redescubierta en 1999 tras pensarse extinta. Los análisis de microsatélites revelaron que la diversidad de esta especie en los pocos nichos donde sobrevive, es muy baja y por lo tanto se encuentra en peligro de extinción severo (Liu y col., 2013).

1.4. Género *Tagetes* como modelo de estudio.

Varios investigadores (Jacobs y col., 1995; Ploeg, 1999; Ploeg y Maris, 1999; Alexander y Waldenmaier, 2002; Ileri y col., 2010; Sanches y col., 2012) han realizado trabajos sobre el efecto biocida de algunas especies de *Tagetes* sobre parásitos que afectan las cosechas de tomate y papa. Entre las especies que han sido analizadas están *T. patula*, *T. minuta* y *T. erecta* las cuales demostraron ser capaces de reducir la presencia de parásitos como *Rh. Sanguineus*, *Phlebotomus duboscqi*, *Pratylenchus penetrans* y *Meloidogyne incognita*. Se han realizado trabajos de regeneración de tejidos en diferentes especies del género *Tagetes* (Vanegas y col., 2002; Yingchun y col., 2011; Mohamed y col., 1999), para permitir el desarrollo de materiales transgénicos que conduzcan a aumentar o mejorar la producción de luteína, un carotenoide que es utilizado como pigmento en la industria alimentaria (Peña y col., 2004). Los trabajos de caracterización molecular del género *Tagetes* son escasos. Un ejemplo es la caracterización molecular de 11 materiales híbridos del género *Tagetes* que fueron seleccionados por su capacidad de producción de aceites. Se empleó la técnica de RAPD usando iniciadores de la serie OPM, con lo cual pudieron establecer la correlación entre dichos materiales y las especies de origen de los híbridos (Campos y col., 2012). También se ha realizado un trabajo de análisis filogenético de 21 géneros de la tribu *Tageteae* que se encuentra dentro de la familia *Asteraceae* y abarca al género *Tagetes*. En esa investigación se usaron secuencias de espaciadores transcritos internos (ITS) y secuencias del gen *ndhF* (Lockerman y col., 2003).

1.4.1. Clasificación taxonómica y distribución geográfica.

El género *Tagetes* se distribuye desde el suroeste de Estados Unidos hasta el sur de Argentina. En México se han encontrado 32 de las 56 especies hasta ahora descubiertas y se localizan en diferentes estados a lo largo del país. Diferentes autores han intentado clasificar las diferentes especies del género *Tagetes* basándose en el estudio de sus características morfológicas, pero debido a que estas especies presentan marcadas similitudes se ha dado pie a confusiones en su clasificación taxonómica, por lo cual existen diferentes nombres que son sinónimos de una misma especie o bien, algunos ejemplares considerados especies independientes ahora son reconocidos como miembros de la misma especie, un ejemplo es *T. tenuifolia* y *T. peduncularis* que han sido renombrados como *T. lunulata* (Serrato, 2010). También está el caso de la incorporación de *Addenopapus persicaefolius* al género *Tagetes* apoyado por evidencia molecular (Loockerman y col., 2003). Durante el periodo 2003-2009, se inicio el proyecto Red *Tagetes* del Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos (SINAREFI) de la SAGARPA con el fin de recabar y analizar la información disponible sobre las especies del género *Tagetes* cuyo centro de origen y diversidad genética este en México. En el cuadro 1 se muestra un listado con las 32 especies descubiertas en nuestro país (Serrato, 2010) y en el cuadro 2 se muestra su clasificación taxonómica (SIIT, 2012).

1.4.2. Características morfológicas del género *Tagetes*.

El género *Tagetes* tiene hojas de tipo pinnado y tallos que crecen desde 1 cm hasta 2 m de altura dependiendo de la especie. Sus flores son de tipo ligulado con un tamaño que va de 1 a 2 cm y crecen alrededor de la planta en forma radial o de disco con un diámetro de 4 a 6 cm. Las flores pueden presentar colores rojo, naranja, amarillo, y blanco (Serrato, 2010). En el cuadro 3, se muestran algunas de las características de algunos individuos del género *Tagetes* (CONABIO, 2012; Serrato, 2010), y en las figuras 3 y 4 se muestran fotografías de algunos ejemplares del género *Tagetes*, algunas pertenecen a CONABIO (2012) y otras fueron tomadas en el laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad Autónoma de Querétaro, campus Aeropuerto.

Cuadro 1. Especies del género *Tagetes* localizadas en México (Serrato, 2010).

Especie.	
1.- <i>T. arenicola</i>	17.- <i>T. moorei</i>
2.- <i>T. coronopifolia</i>	17a.- <i>T. moorei</i> var. <i>Breviligulata</i>
2a.- <i>T. coronopifolia</i>	18.- <i>T. mulleri</i>
3.- <i>T. epapposa</i>	19.- <i>T. nelsonii</i>
4.- <i>T. elongata</i>	20.- <i>T. oaxacana</i>
5.- <i>T. erecta</i>	21.- <i>T. palmeri</i>
6.- <i>T. filifolia</i>	22.- <i>T. parryi</i>
7.- <i>T. foetidissima</i>	23.- <i>T. patula</i>
8.- <i>T. hartwegii</i>	24.- <i>T. persicaefolius</i>
9.- <i>T. jaliscensis</i>	25.- <i>T. pringlei</i>
10.- <i>T. lacera</i>	26.- <i>T. remotiflora</i>
11.- <i>T. lemmonii</i>	27.- <i>T. stenophylla</i>
12.- <i>T. linifolia</i>	28.- <i>T. subulata</i>
13.- <i>T. lunulata</i>	29.- <i>T. subvillosa</i>
14.- <i>T. lucida</i>	30.- <i>T. tenuifolia</i>
15.- <i>T. micrantha</i>	31.- <i>T. terniflora</i>
16.- <i>T. minuta</i>	32.- <i>T. triradiata</i>

Cuadro 2. Clasificación taxonómica del género *Tagetes* obtenida del Sistema Integrado de Información Taxonómica (SIIT, 2012).

Reino	<i>Plantae</i>
Subreino	<i>Viridiaeplantae</i>
Infrareino	<i>Streptophyta</i>
División	<i>Tracheophyta</i>
Subdivisión	<i>Spermatophytina</i>
Infradivisión	<i>Angiospermae</i>
Clase	<i>Magnoliopsida</i>
Superorden	<i>Asteranae</i>
Orden	<i>Asterales</i>
Familia	<i>Asteraceae</i>
Tribu	<i>Tageteae</i>
Género	<i>Tagetes</i>

Cuadro 3. Características morfológicas de algunas especies del género *Tagetes*.
(CONABIO, 2012; Serrato, 2010).

Especie	Altura del tallo	No. de pétalos	Color de flores	Tamaño de flores	Color de cabezuelas	Germminación
<i>T. lunulata</i>	30 A 80 cm	20 a 35	Amarillas	7 a 10 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. foetidissima</i>	20 a 80 cm	4 a 8	Amarillo verdoso	5 a 6.5 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. multiflora</i>	20 cm	7 a 14	Amarillas	2 a 4 mm	Moradas o amarillas	Anual/herbácea
<i>T. coronopifolia</i>	50 cm	5 a 20	Amarillas	2 a 4 mm	Moradas	Anual/herbácea
<i>T. linifolia</i>	20 a 40 cm	40 a 60	Amarillo anaranjado y rojo	5 s 12 mm	Verdes	Perenne/herbácea
<i>T. lemmonii</i>	30 a 100 cm	30 a 60	Amarillas	10 a 15 mm	Verdes	Perenne/herbácea
<i>T. stenophylla</i>	50 a 100 cm	3 a 60	Amarillo rojizo	8 a 12 mm	Radiales	Perenne/herbácea
<i>T. patula</i>	20 a 85 cm, de color morado	56 a 70	Rojo, naranja, amarillo	8 a 13 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. persicaefolia</i>	1 a 2 mt	7 a 8	Amarillas	8 a 12 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. erecta</i>	40 a 60 cm, 1.8 mt en cultivo	40 a 90	Amarillo anaranjado	10 a 15 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. moorei</i>	8 a 40 cm	10 a 20	Amarillas	8 a 10 mm	Verdes	Anual o perenne
<i>T. parryi</i>	30 a 50 cm	50 a 60	Amarillas	12 a 20 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. minuta</i>	1.5 mt	3 a 5	Amarillas	0.5 a 1 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. terriflora</i>	1.6 mt	3 a 5	Amarillas	0.5 a 1 mm	Rojas o amarillas	Anual/herbácea
<i>T. lucida</i>	1 mt	5 a 8	Amarillas	6 a 7 mm	Verdes	Perenne/herbácea
<i>T. arenicola</i>	30 a 60 cm	5 a 6	Amarillo anaranjado	6 a 7 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. filifolia</i>	10 a 40 cm	3 a 9	Amarillas	3 a 3.5 mm	Verdes	Anual/herbácea
<i>T. micrantha</i>	10 a 50 cm	4 a 10	Amarillas	3 a 3.5 mm	Verde obscuro	Anual/herbácea
<i>T. subulata</i>	10 a 50 cm, de color púrpura	10 a 20	Amarillo anaranjado	7 a 10 mm	Café o Negro	Anual/herbácea



T. lunulata



T. foetidissima



T. multiflora



T. coronopifolia



T. lemmonii



T. patula



T. erecta



T. persicaefolius



T. parryi



T. moorei



T. minuta



T. terniflora

Figura 3. Fotografías de ejemplares del género *Tagetes* (CONABIO, 2012).



T. lucida



T. subulata



T. filifolia



T. micrantha

Figura 4. Fotografías de ejemplares del género *Tagetes* (CONABIO, 2012).

1.4.3. Contexto histórico e importancia del género *Tagetes*.

Las plantas del género *Tagetes* han sido utilizadas desde la época prehispánica por los indígenas nahuatlacas. Estos usos fueron descritos en el Códice Florentino por fray Bernardino de Sahagún en el siglo XVI. Un ejemplo es *T. lúcida* conocida en náhuatl como Yauhtli, y que ha sido utilizada como aromatizante y ofrenda en las festividades del fuego y de la lluvia. También era utilizada como remedio medicinal para tratar la fiebre y las úlceras. Otro ejemplo es *T. tenuifolia* o Tzitziquilitl que fue empleada como hierba comestible. Los indígenas también emplearon *T. erecta* conocida en México como flor de Cempoalxóchitl y se utilizaba como planta de ornato en los templos y casas durante las fiestas del sol y las fiestas de los muertos (Serrato, 2010). En la actualidad la flor de Cempoalxóchitl aún se usa en la medicina tradicional como antiparasitario, antiespasmódico y en el tratamiento del estómago, bazo, e hígado (Del Villar, 2007). Dado su alto contenido de carotenoides, en especial la luteína, las flores de Cempoalxóchitl se utilizan en la industria alimentaria como aditivo en el alimento de aves de corral, peces y crustáceos con el fin de mejorar la pigmentación de su piel y hacerlos más atractivos para su consumo (Peña y col., 2004). Los carotenoides de Cempoalxóchitl y de otras variedades de *Tagetes* son de importancia medicinal y pueden ser empleados en el tratamiento de enfermedades humanas. Un ejemplo son las Xantofilas o el B-Caroteno (precursor de la vitamina-A), los cuales tienen actividad antioxidante y protegen del daño provocado por los radicales libres, responsables de varias enfermedades degenerativas como arterioesclerosis, artritis y carcinogénesis (Salinas y Pacheco, 2003). Debido a que el uso de pesticidas en los cultivos presenta algunos problemas como son costo elevado, generación de resistencia por parte de las plagas además de un impacto nocivo en el ambiente, se están buscando alternativas que puedan evitar estos inconvenientes. Ejemplares del género *Tagetes* como *T. minuta*, *T. patula* y *T. erecta* contienen terpenos y tiofenos con capacidad acaricida y pesticida que pueden ser utilizados en cultivos de tomate y papa (Jacobs y col., 1995; Ploeg, 1999; Ploeg y Maris, 1999; Alexander y Waldenmaier, 2002; Ileri y col., 2010; Sanches y col., 2012;

García y col., 2012) en forma de extracto o bien como un co-cultivo, con el fin de eliminar las plagas que dañan tales cosechas.

1.4.4. Producción.

En México hay 859 ha cultivadas con *T. erecta*, de las cuales 69.2% se encuentran en Puebla, 10% en el Estado de México, 2.3% en Michoacán, y el 0.33% en el Distrito Federal. El resto de la producción se da en los estados de Oaxaca, Guerrero, Hidalgo, Morelos, San Luis Potosí, Tlaxcala y Durango. Por año se produce un total de 6,598 toneladas de flor de Cempoalxóchitl con un valor de 15 millones 463 mil 816 pesos. Esta producción se destina principalmente a satisfacer las demandas durante las festividades del día de los muertos, por lo cual se clasifica en México como planta de ornato (SAGARPA, 2012). Hasta el momento no se cuentan con datos del nivel de producción de la especie *T. patula*, sin embargo se sabe que también es comercializada como planta de ornato, al igual que *T. erecta*. El resto de las especies se encuentran en forma silvestre o ruderal (Serrato, 2010).

2. HIPÓTESIS.

El uso de de marcadores moleculares permite establecer las relaciones genéticas de ejemplares del género *Tagetes* y elaborar su árbol filogenético.

3. OBJETIVOS.

3.1. Objetivo general.

Construir una filogenia de ejemplares del género *Tagetes*, basado en marcadores moleculares tipo ITS, ISSR y RAPD con el fin de conocer las relaciones de parentesco de las especies que lo conforman.

3.2. Objetivos específicos.

- Estandarizar un protocolo de amplificación por PCR para marcadores moleculares en los materiales colectados.
- Identificar las relaciones filogenéticas entre los materiales analizados mediante los resultados de los marcadores moleculares.

4. METODOLOGÍA.

4.1. Materiales.

Se trabajo con materiales del género *Tagetes* proporcionados por el Dr. Miguel Ángel Serrato Cruz, profesor-investigador de la Universidad Autónoma de Chapingo. El Dr. Serrato Cruz se encargo de recolectar los materiales y de identificarlos de manera independiente a este trabajo. Las especies que proporcionó se enlistan en el cuadro 4. Estos materiales constan de flores, hojas, tallo y en algunos casos se proporciono el lugar de origen de la colecta. El Dr. Serrato Cruz también proporciono muestras de ejemplares híbridos de *Tagetes*, con el fin de realizar análisis de identificación molecular, de manera similar al resto de ejemplares.

Para el análisis de ITS se seleccionaron 28 individuos al azar, de diferentes especies de *Tagetes* y 7 individuos híbridos, a las cuales se les asigno una clave de identificación arbitraria con el fin de facilitar su reconocimiento durante los experimentos de este trabajo, como se muestra en los cuadros 5 y 6. Para el análisis de microsatélites se seleccionaron 164 individuos al azar y para el análisis de RAPD se emplearon 97 individuos al azar, de diferentes especies de *Tagetes*. Todos los individuos utilizados en cada una de estos análisis son parte del conjunto de ejemplares proporcionados por el Dr. Serrato Cruz.

Cuadro 4. Ejemplares del género *Tagetes* que componen el conjunto de muestras proporcionadas por el Dr. Miguel Ángel Serrato Cruz.

Especies			
<i>T. arenicola</i>	<i>T. lemmonii</i>	<i>T. moorei</i>	<i>T. remotiflora</i>
<i>T. coronopifolia</i>	<i>T. linifolia</i>	<i>T. multiflora</i>	<i>T. sp</i>
<i>T. erecta</i>	<i>T. lucida</i>	<i>T. palmeri</i>	<i>T. stenophylla</i>
<i>T. erembula</i>	<i>T. lunulata</i>	<i>T. parryi</i>	<i>T. subulata</i>
<i>T. filifolia</i>	<i>T. micrantha</i>	<i>T. patula</i>	<i>T. subvillosa</i>
<i>T. foetidissima</i>	<i>T. minuta</i>	<i>T. persicaefolia</i>	<i>T. tenuifolia</i>
<i>T. laxa</i>	<i>T. mirogliossa</i>	<i>T. pringlei</i>	<i>T. terniflora</i>

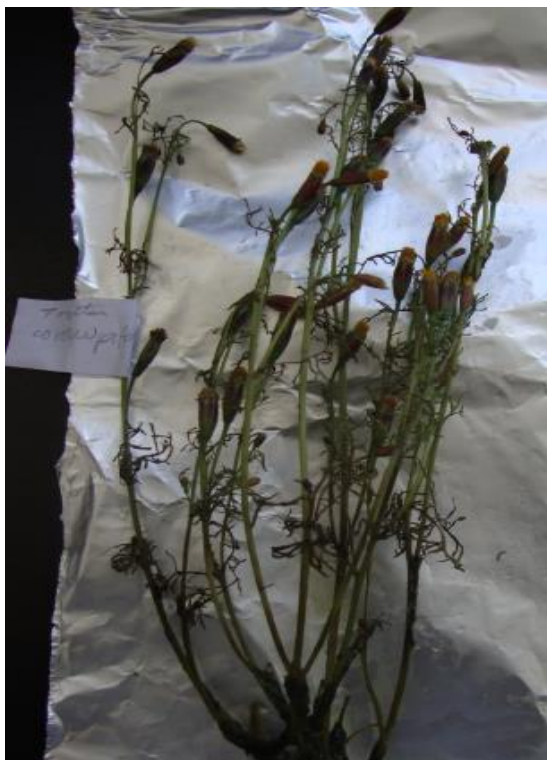
Cuadro 5. Individuos de *Tagetes* empleados en el análisis ITS con claves de identificación.

Especie	Clave de identificación	Especie	Clave de identificación
<i>T. arenicola</i>	TAG-00037	<i>T. lunulata C</i>	TAG-00008
<i>T. coronopifolia</i>	TAG-00003	<i>T. minuta</i>	TAG-00013
<i>T. erecta</i>	TAG-00032	<i>T. micrantha</i>	TAG-00019
<i>T. filifolia A</i>	TAG-00006	<i>T. moorei</i>	TAG-00017
<i>T. filifolia B</i>	TAG-00025	<i>T. multiflora</i>	TAG-00018
<i>T. filifolia C</i>	TAG-00007	<i>T. parryi A</i>	TAG-00004
<i>T. foetidissima</i>	TAG-00023	<i>T. parryi B</i>	TAG-00010
<i>T. laxa</i>	TAG-00015	<i>T. patula A</i>	TAG-00029
<i>T. lemmonii</i>	TAG-00002	<i>T. patula B</i>	TAG-00030
<i>T. linifolia</i>	TAG-00031	<i>T. persicaefolia</i>	TAG-00028
<i>T. lucida A</i>	TAG-00020	<i>T. stenophylla</i>	TAG-00024
<i>T. lucida B</i>	TAG-00021	<i>T. Sp Jalisco</i>	TAG-00022
<i>T. lunulata A</i>	TAG-00009	<i>T. subulata</i>	TAG-00005
<i>T. lunulata B</i>	TAG-00016	<i>T. terniflora</i>	TAG-00026

Cuadro 6. Individuos de *Tagetes* híbridos empleados en el análisis ITS con claves de identificación.

Especie (Hembra + Macho)	Clave
<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. terniflora A</i>	TAGH-002
<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. terniflora B</i>	TAGH-003
<i>T. terniflora</i> + <i>T. lemmonii</i>	TAGH-004
<i>T. lemmonii</i> + <i>T. terniflora A</i>	TAGH-005
<i>T. lemmonii</i> + <i>T. terniflora B</i>	TAGH-006
<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. parryi A</i>	TAGH-007
<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. parryi B</i>	TAGH-008

En las figuras 5, 6, 7 y 8 se muestran fotografías de algunos de los diferentes ejemplares del género *Tagetes* utilizados durante este trabajo.



T. coronopifolia. TAG-00003



T. erecta. TAG-00032

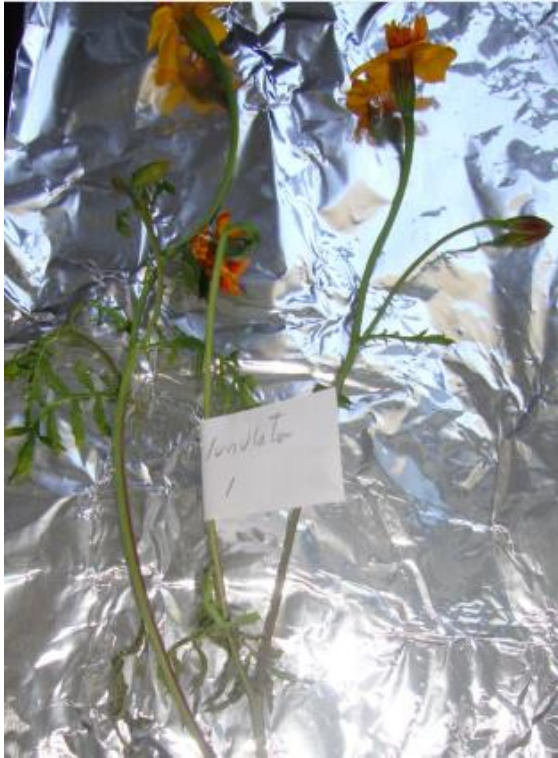


T. filifolia A. TAG-00006



T. foetidissima. TAG-00023

Figura 5. Ejemplares de *T. coronopifolia*, *T. erecta*, *T. filifolia* y *T. foetidissima*.



T. lunulata A. TAG-00009



T. micrantha. TAG-00019

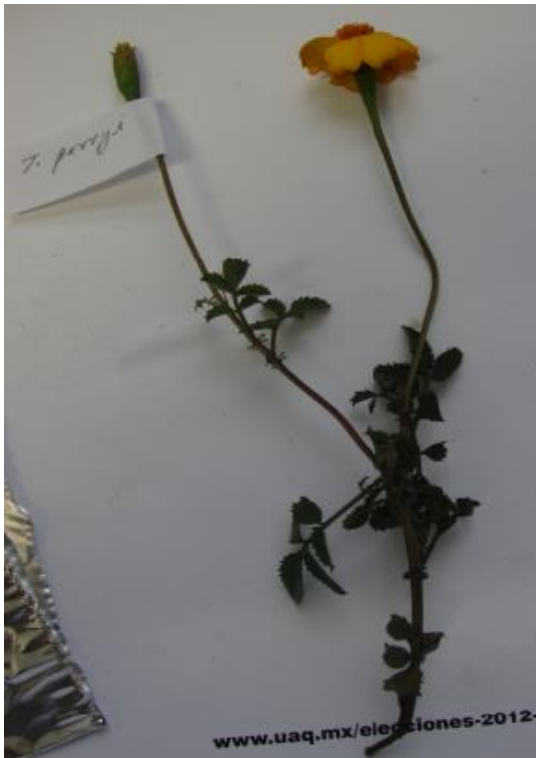


T. moorei. TAG-00017



T. multiflora. TAG-00018

Figura 6. Ejemplares de *T. lunulata*, *T. micrantha*, *T. moorei* y *T. multiflora*.



T. parryi B. TAG-00010



T. patula B. TAG-00030



T. terniflora. TAG-00007

Figura 7. Ejemplares de *T. parryi*, *T. patula* y *T. terniflora*.



T. lemmonii + *T. terniflora*



T. terniflora + *T. lemmonii*



T. coronopifolia + *T. parryi*



T. coronopifolia + *T. terniflora*

Figura 8. Fotografías que muestran 4 de los ejemplares híbridos de *Tagetes*.

4.2. Métodos.

4.2.1. Extracción de ADN.

El método que se utilizó para la extracción de ADN de plantas es el método de CTAB (Doyle, 1990) con algunas modificaciones. En un tubo nuevo eppendorf de 2.5 ml se colocaron 0.2 g de tejido vegetal macerado con nitrógeno líquido y 1 ml de buffer de Extracción (2% CTAB, 100 mM de Tris pH 8, 1.4 M de Cloruro de sodio, 20 mM de EDTA pH 8 y 0.1 % de β -mercapto etanol). La suspensión se colocó a 60 °C con agitación durante 20 minutos, se enfrió a temperatura ambiente por 5 minutos y se centrifugó por 10 minutos a 12,000 rpm. Enseguida se extrajo el sobrenadante y se colocó en un tubo nuevo, se agregó un volumen de cloroformo:isoamílico (24:1 v/v), se mezcló durante 2 minutos y se centrifugó durante 10 minutos a 12,000 rpm. Se colectó la fase acuosa en un tubo nuevo y se agregaron 600 μ l de isopropanol, esta mezcla se colocó a -80 °C durante diez minutos y enseguida se centrifugó la muestra durante 10 minutos a 12,000 rpm a 4 °C. Se tiró el sobrenadante y se recuperó la pastilla, que se resuspendió con 500 μ l de agua destilada estéril y se extrajo con 800 μ l de fenol-cloroformo-isoamílico (25:24:1 v/v/v) esta mezcla se agitó vigorosamente y se centrifugó durante 10 minutos a 12,000 rpm a 4 °C. La fase acuosa se colocó en un tubo nuevo, se precipitó con 25 μ l de acetato de sodio 3 M pH 5.2 y 800 μ l de etanol absoluto. La mezcla se colocó a -80 °C por diez minutos y después se centrifugó durante 10 minutos a 12,000 rpm a 4 °C. Se recuperó la pastilla y se lavó con 500 μ l de etanol 70 %, se centrifugó durante 10 minutos a 12,000 rpm a 4 °C. Se resuspendió con 50 μ l de agua destilada. Las muestras de ADN obtenidas con este procedimiento se sometieron a electroforesis en gel de agarosa al 1% teñido con colorante gel red, durante 30 minutos a 100 volts. Al finalizar la electroforesis, el gel se reveló con un fotodocumentador mediante luz UV, para corroborar la presencia de ADN genómico. Al finalizar las muestras se colocaron a -20 °C hasta su utilización.

4.2.2. Determinación de la concentración de ADN.

Para determinar la concentración del ADN obtenido, se utilizó un espectrofotómetro Nanodrop a una absorbancia de 260 nm (Chan, 2013). El

resultado obtenido a 260 nm, se utiliza en la siguiente fórmula (Sambrook y col, 1989) para calcular su molaridad:

$$\frac{(\text{Abs } 260 \text{ nm})(\text{Factor de corrección})(\text{Factor de dilución})}{1000} = \mu\text{g/mL}$$

Abs 260 nm: Absorbancia a 260 nm.

Factor de corrección: 50 μg de ADNds*unidad de absorbancia (constante para ADN)

Factor de dilución: Para obtener el factor de dilución se suman los 5 μl de ADN y los 995 μl de agua destilada descritos anteriormente, el resultado se divide entre los 5 μl de ADN y se obtiene el factor de dilución.

Número 1000: Es un número denominador, que se refiere a mil mililitros. Se divide el producto de (Abs 260 nm) (Factor de corrección) (Factor de dilución) entre 1000 mililitros para obtener la concentración de ADN en $\mu\text{g/ml}$

4.2.3. Determinación de la pureza de ADN.

La determinación de la pureza del ADN extraído se obtiene mediante la siguiente fórmula: calidad = Abs 260/Abs 280. El resultado de esta fórmula debe estar entre 1.8 y 2.0, número que nos indicaría la presencia de un ADN puro sin fenoles o proteínas.

4.2.4. Análisis de ITS.

4.2.4.1. Amplificación.

Para la amplificación de los marcadores ITS se utilizaron los iniciadores ITS2 (5' GCTGCGTTCTTCATCGATGC 3') e ITS5 (5' GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG 3') y se preparo una mezcla de reacción como se describe en el cuadro 6, para cada una de las muestras seleccionadas con anterioridad.

Cuadro 7. Mezcla de reacción de PCR (50 μ L) para la amplificación de ITS.

Reactivo	Concentración de sol. Madre	Volumen (μ L)
Buffer PCR	10 X sin magnesio	5
MgCl ₂	50 Mm	2
Iniciador ITS 2	2 μ M	1
Iniciador ITS 5	2 μ M	1
ADN templado	50 ng/ μ L	3
dNTPs (A,T,G y C)	1mM	2
Taq polimerasa	5U/ μ L	1
Agua destilada	-----	35
Volumen total		50

Las condiciones de temperaturas y tiempos que se utilizaron en el presente trabajo para amplificar los ITS se muestran en el Cuadro 8.

Cuadro 8. Condiciones de PCR usadas para la amplificación de los ITS.

Etapa	Ciclos	Temperatura	Tiempo
Desnaturalización	1	94 °C	5 minutos
Desnaturalización	30	94 °C	1 minuto
Alineamiento		47 °C	1 minuto
Extensión		72 °C	2 minutos
Extensión final	1	72 °C	7 minutos

4.2.4.2. Visualización de fragmentos amplificados.

Los productos amplificados se visualizaron en gel de agarosa 1% teñido con colorante gel red. El gel de agarosa se corrió a 100 volts durante 30 minutos y se visualizo en una fuente de luz UV.

4.2.4.3. Secuenciación.

Los fragmentos amplificados se analizaron en el Laboratorio Nacional de Biotecnología Agrícola, Médica y Ambiental del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica (IPICyT) en San Luis Potosí, S.L.P.

4.2.4.4. Alineamiento de secuencias y determinación de la distancia genética.

Una vez conocidas las secuencias genéticas de ITS, éstas fueron alineadas. El alineamiento consiste en escribir un par de secuencias, una sobre la otra de manera que se maximice el número de nucleótidos que se emparejen entre ambas, al introducir espacios (o gaps por su nombre en inglés) en las secuencias. Biológicamente, se asume que esos espacios representan inserciones o deleciones que ocurren conforme las secuencias divergen de un ancestro común. Si se pudieran insertar tantos espacios como sea necesario, se podría alinear cualquier par de secuencias al azar, sin embargo dicho alineamiento no tendría utilidad. Debido a esto, es necesario limitar el número de gaps de manera que los alineamientos tengan un sentido biológico. Los programas bioinformáticos usados con este fin, permiten asignar un valor negativo a los espacios (penalidad por espacio o gap penalty por su nombre en inglés) y un valor positivo a los nucleótidos que se emparejan o coinciden entre las secuencias. En este trabajo se utilizaron los valores ya establecidos en el programa. Es importante recordar que un alineamiento de secuencias no es un análisis definitivo y tiene que ser comparado con otros datos (como caracteres morfológicos, registro fósil, eventos geológicos, etc.) para que tenga un sentido biológico (Hall, 2004). Una vez que las secuencias fueron alineadas, se determinó la distancia genética de las secuencias mediante el análisis de Neighbor-Joining. Estos procedimientos se llevaron a cabo con la ayuda del programa Mega 5 (Tamura y col., 2011).

4.2.5. Análisis de ISSR.

4.2.5.1. Amplificación.

El protocolo que se utilizó para la amplificación de ISSR, fue el descrito por Valadez (2000), con algunas modificaciones. En este protocolo se indica el uso de iniciadores hexadecámeros de secuencias repetidas como los cebadores 5´GATA, 5´GACA y 5´TCC y que además, han sido reportados por otros autores para identificar mutantes de amaranto (Ziarovská, 2013) y para el estudio de poblaciones de tortugas (Molfetti, 2013). Las reacciones de PCR se prepararon como se muestra en el cuadro 9, por cada ejemplar analizado.

Cuadro 9. Mezcla de reacción de PCR (26 μ L) para la amplificación de ISSR.

Reactivo	Concentración de solución Madre.	Volumen (μ L)
Buffer PCR	10 X sin magnesio	2.5
MgCl ₂	50 mM	3
Iniciador	2 μ m (c/u)	4
ADN templado	50 ng/ μ L	2
dNTPs (A, T, G y C)	1mM	1
Taq polimerasa	5U/ μ l	1
Agua		12.5
Volumen total		26

Las condiciones de temperaturas y tiempos que se utilizaron para amplificar ISSR se muestran en el cuadro 10.

Cuadro 10. Condiciones de PCR para la amplificación de ISSR.

Etapa	Ciclos	Temperatura	Tiempo
Desnaturalización	1	94 C	1 minuto
Desnaturalización	1	95	2 segundos
Alineamiento	1	50	40 segundos
Extensión	1	72	40 segundos
Desnaturalización	1	94	35 segundos
Alineamiento	1	46	40 segundos
Extensión	1	72	40 segundos
Desnaturalización	1	94	35 segundos
Alineamiento	1	42	40 segundos
Extensión	1	72	40 segundos
Desnaturalización	25	94	35 segundos
Alineamiento		38	38 segundos
Extensión		72	40 segundos
Extensión Final	1	72	1 minuto

4.2.5.2. Visualización de fragmentos amplificados.

Los productos amplificados de cada iniciador se analizaron en gel de agarosa 1% teñido con colorante gel red; el gel se corrió a 85 volts durante 90 minutos y

después se sometió a luz UV para visualizar las bandas amplificadas y fotografiarlas.

4.2.5.3. Análisis de agrupamiento.

Con las fotografías que se tomaron se hizo un análisis de las bandas amplificadas para la construcción de una matriz por cada cebador utilizado. La matriz se fundamenta en la ausencia y presencia de los fragmentos amplificados (bandas), donde el valor 1 se utiliza como variable para registrar la presencia y el valor 0 para registrar la ausencia. Una vez que se generó la matriz de datos, el archivo se cargó en el programa R y mediante un análisis de Neighbor Joining, se construyó un dendrograma que muestra las relaciones de parentesco de los materiales analizados (Schliep, 2011).

4.2.6. Análisis de RAPD.

4.2.6.1. Amplificación.

Para el análisis RAPD se utilizó el iniciador OPM-4 de la serie M, la cual fue utilizada para establecer las relaciones de parentesco de individuos de *Tagetes* híbridos con sus especies de origen (Campos y col., 2011). Las reacciones de PCR fueron de 25 μ l cada una como se muestra en el cuadro 11, por cada ejemplar analizado.

Cuadro 11. Mezcla de reacción de PCR (25 μ L) para la amplificación de RAPD.

Reactivo	Concentración de solución Madre.	Volumen (μ l)
Buffer PCR	10 X sin magnesio	2.5
MgCl ₂	50 mM	2
Iniciador	2 μ m (c/u)	4
ADN templado	50 ng/ μ l	2
dNTPs (A, T, G y C)	1mM	1
Taq polimerasa	----	1
Agua		12.5
Volumen total		25

Las condiciones de temperaturas y tiempos que se utilizaron para amplificar RAPD se muestran en el Cuadro 12.

Cuadro 12. Condiciones de PCR para la amplificación de RAPD.

Etapa	Ciclos	Temperatura	Tiempo
Desnaturalización	1	94 C	1 minuto
Desnaturalización	35	95 C	35 segundos
Alineamiento		50 C	38 segundos
Extensión		72 C	40 segundos
Extensión final	1	72 C	10 minutos

4.2.6.2. Visualización de fragmentos amplificados.

Los productos amplificados de cada iniciador se analizaron en gel de agarosa 2% teñido con colorante gel red; el gel se corrió a 85 volts durante 90 minutos y después se sometió a luz UV para visualizar las bandas amplificadas y poder fotografiarlas. Se uso gel de agarosa a esa concentración, ya que produce un tamaño de poro que permite la adecuada separación de las diferentes bandas de RAPD (Valadez, 2000).

4.2.6.3. Análisis de agrupamiento.

Las fotografías obtenidas se utilizaron para elaborar una matriz de 0 y 1 basada en la ausencia y en la presencia de bandas RAPD. Una vez que se genero la matriz de datos, el archivo se cargo en el programa R y mediante un análisis de Neighbor Joining, se construyo un dendograma que muestra las relaciones de parentesco de los materiales analizados.

5. RESULTADOS.

5.1. Extracción de ADN de individuos del género *Tagetes*.

Se extrajo ADN del tejido vegetal de los ejemplares de *Tagetes* disponibles, utilizando el método de CTAB. El ADN en solución acuosa se almacenó en tubos eppendorf de 1.5 mL y se rotularon de acuerdo al número de caja y fila en la que fueron proporcionadas por el Dr. Serrato Cruz. Se almacenaron en gradillas de plástico en un refrigerador de 4 °C. Estas muestras se corrieron en un gel de agarosa 1% por electroforesis para comprobar la presencia de ADN genómico y se cuantificaron mediante un espectrofotómetro Nanodrop como se indicó en la sección de Metodología. En la figura 9 se muestra un gel de agarosa al 1% que revela la presencia de ADN genómico, resaltado en cuadros. También se indica la presencia de la escalera molecular y de fragmentos de ARN, que fueron arrastrados durante la extracción con CTAB.

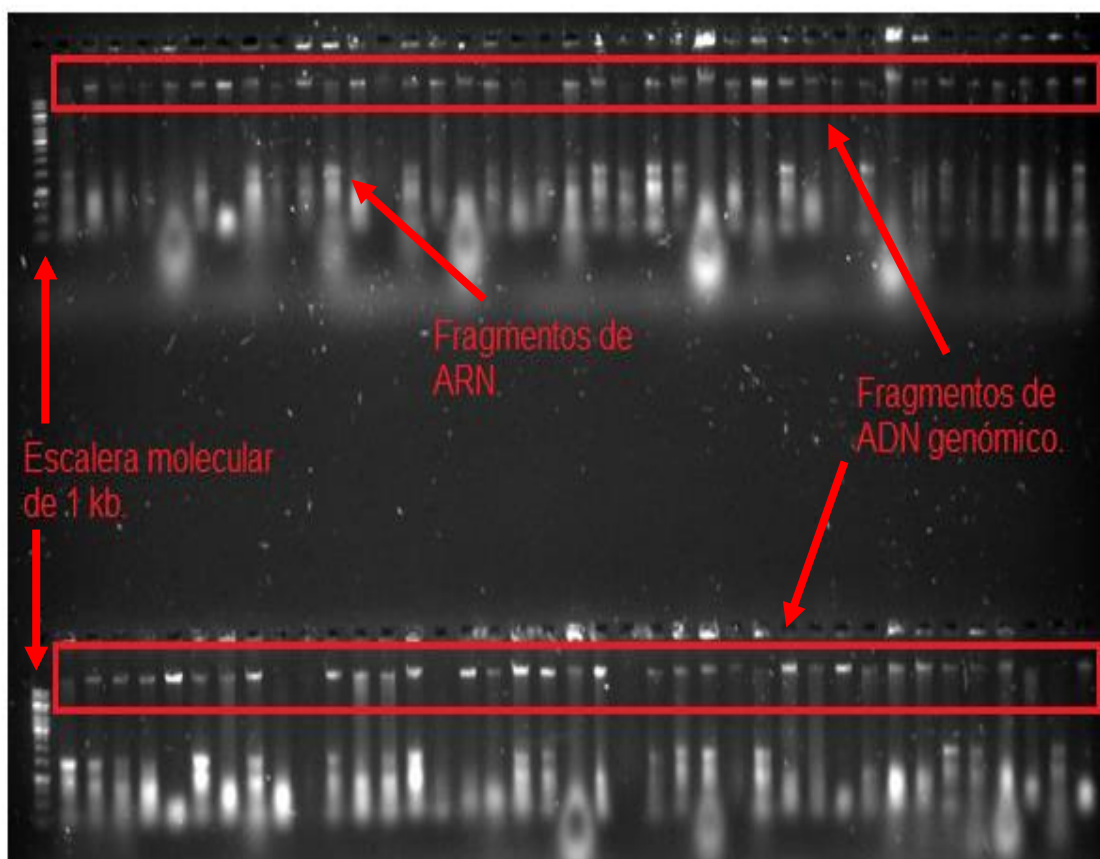


Figura 9. Gel de agarosa 1% que muestra la presencia de ADN genómico.

5.2. Resultados del análisis de ITS.

Las muestras de ADN genómico obtenidas se sometieron a un protocolo de amplificación por PCR para aislar fragmentos tipo ITS. En la figura 10 se observa una fotografía de un gel de agarosa 1% que muestra el revelado de varios fragmentos ITS con un tamaño de entre 700 y 1000 pb. En dicha figura, los números en rojo corresponden a códigos de identificación de las muestras de ADN, asignados de manera arbitraria para identificarlas durante al análisis ITS; 9: *T. lunulata*, 10: *T. parryi*, 11: *T. coronopifolia*, 13: *T. minuta*, 14: *T. filifolia*, 15: *T. T. laxa*, 16: *T. lunulata*, 17: *T. moorei*, 22: *T. sp-Jalisco*, 23: *T. patula*, 27: *T. stenophylla*, 28: *T. persicaefolia*, 37: *T. arenicola*.

Los fragmentos ITS que se obtuvieron, fueron enviados a secuenciar al Laboratorio Nacional de Biotecnología Agrícola, Médica y Ambiental del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica. Se obtuvo un total de 35 secuencias tipo ITS, 28 pertenecientes a individuos de diferentes especies de *Tagetes* y 7 pertenecientes a individuos híbridos. Las secuencias ITS se encuentran en la sección de Anexos. De estas 35 secuencias, 13 fueron subidas a las base de datos Genbank del NCBI, las especies a las que corresponden estas secuencias se encuentran en el cuadro 13. En este cuadro hay un código de identificación que es un número asignado a cada individuo de manera arbitraria para facilitar su identificación durante el análisis ITS, dichos códigos también se encuentran en los cuadros 14 y 15. En la última columna del cuadro 13 está la clave de acceso a Genbank para cada secuencia. Las secuencias de *T. lunulata A* y *B*, solo fueron aceptadas en la base de datos como *T. patula*. Los 28 individuos del género *Tagetes*, sus códigos de identificación y el tamaño de sus secuencias ITS se muestran en el cuadro 14. Los 7 individuos híbridos, sus códigos de identificación y el tamaño de sus respectivas secuencias se muestran en el cuadro 15. Los tamaños de las secuencias ITS fueron determinados utilizando el programa MEGA 5. Todas las secuencias obtenidas de los fragmentos ITS fueron analizadas con el programa BLAST, para determinar su similitud con secuencias del género *Tagetes*, reportadas previamente a este trabajo. Las 13 secuencias obtenidas en este trabajo, que fueron admitidas en Genbank, por defecto mostraron una similitud del 100%

consigo mismas, al ser introducidas en el programa BLAST. Los resultados de la comparación de las secuencias obtenidas en este trabajo, con las secuencias encontradas por el programa BLAST, se muestran en el cuadro 16.

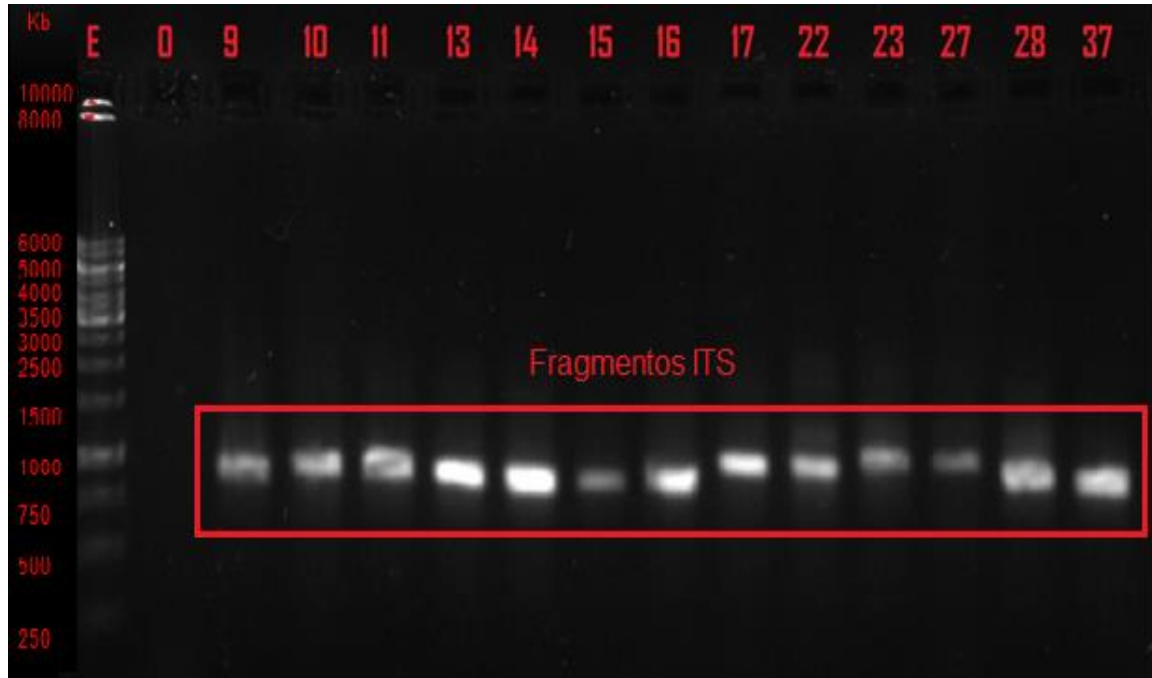


Figura 10. Gel de agarosa 1% que muestra la presencia de fragmentos ITS.

Especie	Clave de identificación	Clave de acceso a Genbank.
<i>T. filifolia C</i>	TAG-00007	KC800424
<i>T. laxa</i>	TAG-00015	KC800431
<i>T. lucida A</i>	TAG-00020	KC800435
<i>T. lunulata A</i>	TAG-00016	KC800432
<i>T. lunulata B</i>	TAG-00009	KC800426
<i>T. lunulata C</i>	TAG-00008	KC800425
<i>T. minuta</i>	TAG-00013	KC800429
<i>T. moorei</i>	TAG-00017	KC800433
<i>T. multiflora</i>	TAG-00018	KC800434
<i>T. parryi A</i>	TAG-00004	KC800422
<i>T. parryi B</i>	TAG-00010	KC800427
<i>T. persicaefolia</i>	TAG-00028	KC800436
<i>T. subulata</i>	TAG-00005	KC800423

Cuadro 13. Individuos del género *Tagetes*, cuyas secuencias de ITS fueron admitidas en la base de datos Genbank del NCBI.

Cuadro 14. Individuos del género *Tagetes* y tamaño de sus secuencias ITS.

Especie	Clave de identificación	Tamaño en pares de bases	Especie	Clave de identificación	Tamaño en pares de bases
<i>T. arenicola</i>	TAG-00037	736	<i>T. lunulata C</i>	TAG-00008	741
<i>T. coronopifolia</i>	TAG-00003	731	<i>T. minuta</i>	TAG-00013	691
<i>T. erecta</i>	TAG-00032	739	<i>T. micrantha</i>	TAG-00019	738
<i>T. filifolia A</i>	TAG-00006	745	<i>T. moorei</i>	TAG-00017	699
<i>T. filifolia B</i>	TAG-00025	743	<i>T. multiflora</i>	TAG-00018	707
<i>T. filifolia C</i>	TAG-00007	757	<i>T. parryi A</i>	TAG-00004	727
<i>T. foetidissima</i>	TAG-00023	739	<i>T. parryi B</i>	TAG-00010	704
<i>T. laxa</i>	TAG-00015	697	<i>T. patula A</i>	TAG-00029	739
<i>T. lemmoni</i>	TAG-00002	739	<i>T. patula B</i>	TAG-00030	742
<i>T. linifolia</i>	TAG-00031	741	<i>T. persicaefolia</i>	TAG-00028	739
<i>T. lucida A</i>	TAG-00020	697	<i>T. stenophylla</i>	TAG-00024	737
<i>T. lucida B</i>	TAG-00021	739	<i>T. Sp Jalisco</i>	TAG-00022	738
<i>T. lunulata A</i>	TAG-00009	703	<i>T. subulata</i>	TAG-00005	727
<i>T. lunulata B</i>	TAG-00016	710	<i>T. terniflora</i>	TAG-00026	727

Cuadro 15. Individuos híbridos de diferentes especies del género *Tagetes* y tamaño de sus secuencias ITS.

Especie	Clave de identificación	Tamaño en pares de bases
<i>T. coronopifolia + T. terniflora A</i>	TAGH-002	728
<i>T. coronopifolia + T. terniflora B</i>	TAGH-003	718
<i>T. lemmonii + T. terniflora A</i>	TAGH-005	735
<i>T. lemmonii + T. terniflora B</i>	TAGH-006	733
<i>T. terniflora + T. lemmonii</i>	TAGH-004	731
<i>T. coronopifolia + T. parryi A</i>	TAGH-007	737
<i>T. coronopifolia + T. parryi B</i>	TAGH-008	733

Cuadro 16. Resultados de la comparación de las secuencias ITS obtenidas, con secuencias similares en Genbank, utilizando el programa BLAST.

Clave de identificación	Caracterización morfológica	Caracterización molecular	Tamaño en pares de bases	Porcentaje de similitud	No. acceso a NCBI
TAG-00037	<i>T. arenicola</i>	<i>T. lucida</i>	736	99%	
TAG-00003	<i>T. coronopifolia</i>	<i>T. patula</i>	731	99%	
TAG-00032	<i>T. erecta</i>	<i>T. patula</i>	739	100%	
TAG-00006	<i>T. filifolia A</i>	<i>T. filifolia</i>	745	99%	
TAG-00025	<i>T. filifolia B</i>	<i>T. filifolia</i>	743	99%	
TAG-00007	<i>T. filifolia C</i>	<i>T. filifolia</i>	757	100%	KC800424
TAG-00023	<i>T. foetidissima</i>	<i>T. patula</i>	739	99%	
TAG-00015	<i>T. laxa</i>	<i>T. laxa</i>	697	100%	KC800431
TAG-00002	<i>T. lemmonii</i>	<i>T. parryi</i>	739	97%	
TAG-00031	<i>T. linifolia</i>	<i>T. patula</i>	741	89%	
TAG-00020	<i>T. lucida A</i>	<i>T. lucida</i>	697	100%	KC800435
TAG-00021	<i>T. lucida B</i>	<i>T. lucida</i>	739	99%	
TAG-00016	<i>T. lunulata A</i>	<i>T. patula</i>	703	100%	KC800432
TAG-00009	<i>T. lunulata B</i>	<i>T. patula</i>	703	100%	KC800426
TAG-00008	<i>T. lunulata C</i>	<i>T. patula</i>	741	100%	KC800425
TAG-00013	<i>T. minuta</i>	<i>T. minuta</i>	691	100%	KC800429
TAG-00019	<i>T. micrantha</i>	<i>T. filifolia</i>	738	99%	
TAG-00017	<i>T. moorei</i>	<i>T. moorei</i>	699	100%	KC800433
TAG-00018	<i>T. multiflora</i>	<i>T. multiflora</i>	707	100%	KC800434
TAG-00004	<i>T. parryi A</i>	<i>T. parryi</i>	727	100%	KC800422
TAG-00010	<i>T. parryi B</i>	<i>T. parryi</i>	704	100%	KC800427
TAG-00029	<i>T. patula A</i>	<i>T. patula</i>	739	99%	
TAG-00030	<i>T. patula B</i>	<i>T. patula</i>	742	97%	
TAG-00028	<i>T. persicaefolia</i>	<i>A. persicaefolius</i>	739	100%	KC800436
TAG-00024	<i>T. stenophylla</i>	<i>T. foetidissima</i>	737	94%	
TAG-00022	<i>T. Sp Jalisco</i>	<i>T. moorei</i>	738	78%	
TAG-00005	<i>T. subulata</i>	<i>T. subulata</i>	727	100%	KC800423
TAG-00026	<i>T. temiflora</i>	<i>T. laxa</i>	727	99%	
TAGH-002	<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. temiflora A</i>	<i>T. patula</i>	728	80%	
TAGH-003	<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. temiflora B</i>	<i>T. patula</i>	718	86%	
TAGH-005	<i>T. lemmonii</i> + <i>T. temiflora A</i>	<i>T. palmeri</i>	735	92%	
TAGH-006	<i>T. lemmonii</i> + <i>T. temiflora B</i>	<i>T. palmeri</i>	733	97%	
TAGH-004	<i>T. temiflora</i> + <i>T. lemmonii</i>	<i>T. laxa</i>	731	100%	
TAGH-007	<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. parryi A</i>	<i>T. patula</i>	737	99%	
TAGH-008	<i>T. coronopifolia</i> + <i>T. parryi B</i>	<i>T. parryi</i>	733	100%	

5.3. Dendogramas basados en marcadores ITS.

Las secuencias de ITS obtenidas de cada uno de los individuos de *Tagetes* analizados, fueron introducidas en el programa Mega 5. Con estos datos se elaboraron 2 dendogramas mediante el método de Neighbor Joining y después, fueron sometidos a dos mil pruebas de bootstrap para poder determinar su grado de estabilidad. Ambos dendogramas se muestran en las figuras 11 y 12. Las pruebas de bootstrap consisten en la elaboración de una prueba estadística donde se hacen pseudo-alineamientos y su resultado es un porcentaje que indica el nivel de probabilidad de que el árbol presente una estructura que se ajuste a las relaciones de parentesco reales de los organismos analizados. Si el porcentaje de bootstrap es de 80% o mayor, se considera que el porcentaje es estable.

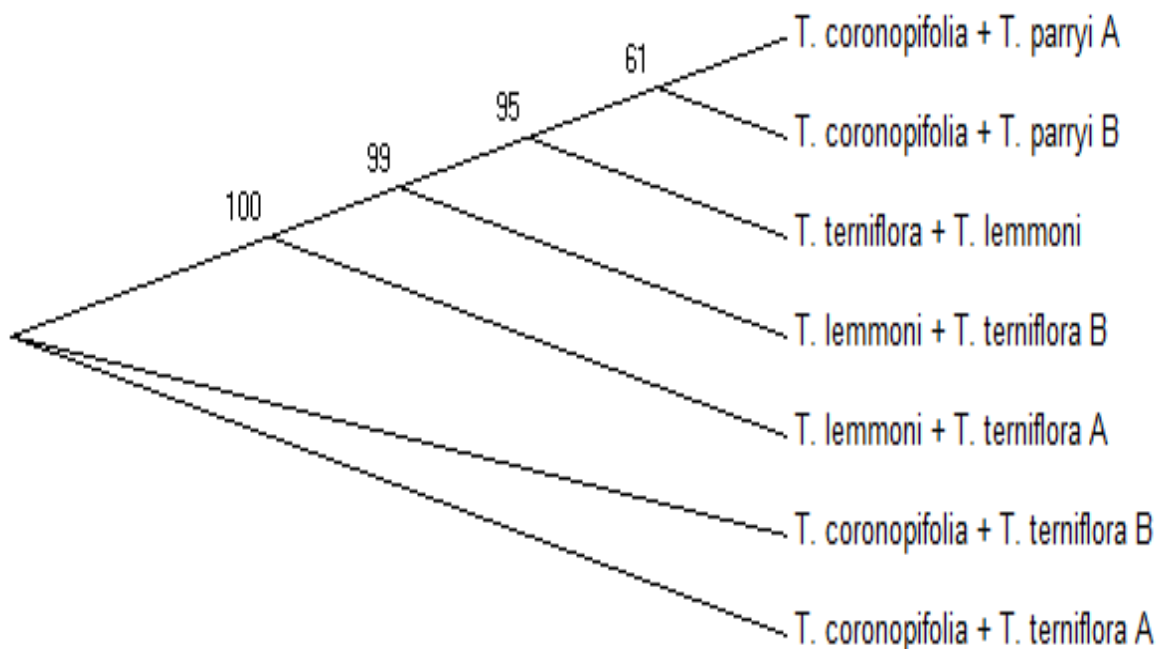


Figura 11. Dendograma que muestra las asociaciones entre individuos híbridos del género *Tagetes*.

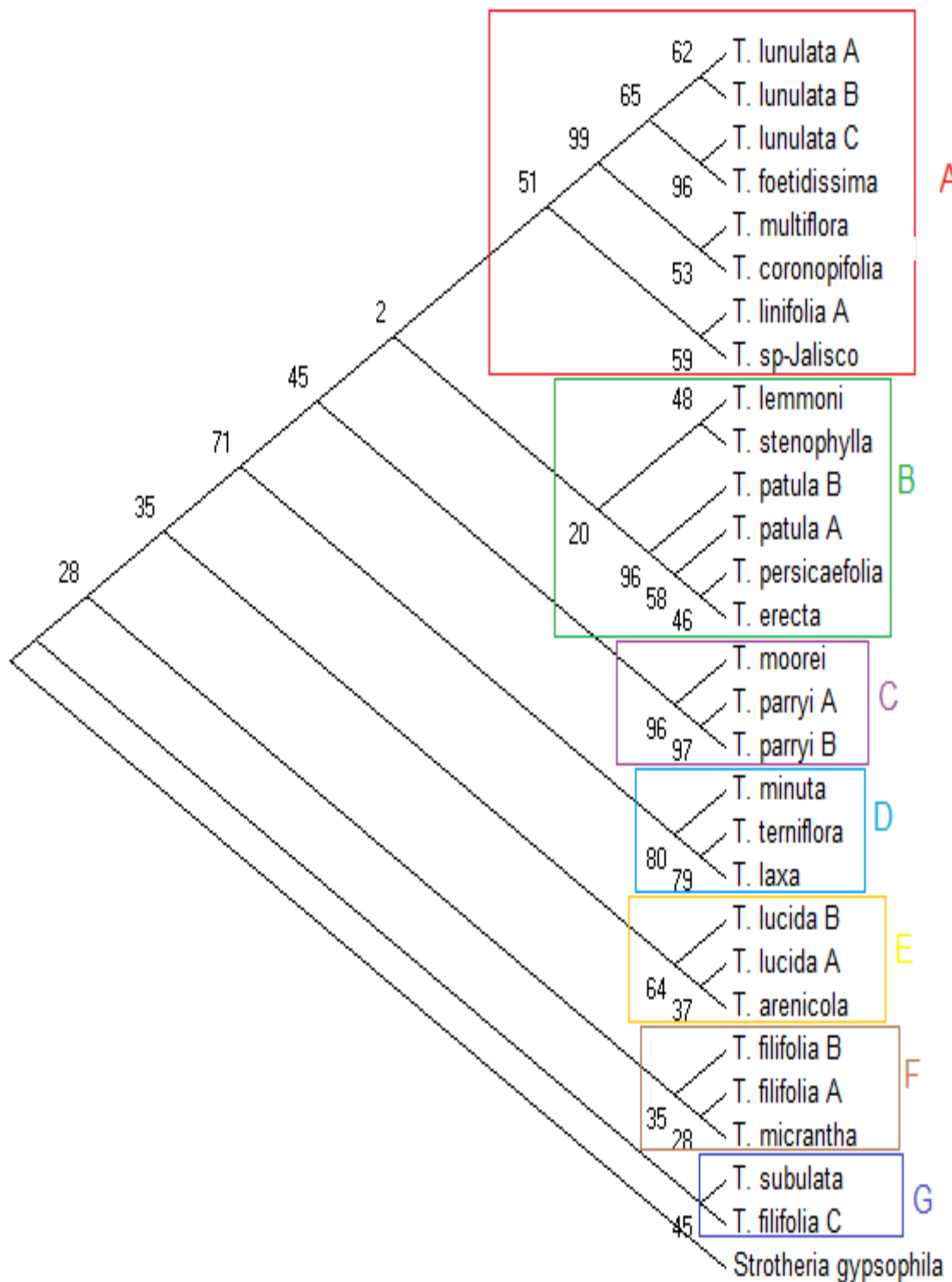


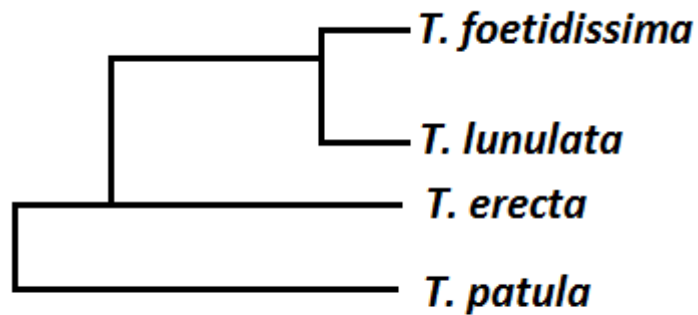
Figura 12. Dendrograma que muestra las asociaciones entre individuos de diferentes especies del género *Tagetes*.

En el dendograma que contiene a los individuos híbridos de *Tagetes* se pueden observar tres agrupamientos. El primer grupo engloba a 2 individuos híbridos de *Tagetes coronopifolia* + *Tagetes terniflora*. El segundo grupo contiene a 2 híbridos de *Tagetes lemmonii* + *Tagetes terniflora* y un híbrido de *Tagetes terniflora* + *Tagetes lemmonii*. El tercer y último grupo del árbol contiene a 2 híbridos de *Tagetes coronopifolia* + *Tagetes parryi*. Los dos híbridos de *Tagetes lemmonii* + *Tagetes terniflora* y el individuo de *Tagetes terniflora* + *Tagetes lemmonii*, no se reúnen en un solo clado, solo se mantienen cercanos. Los porcentajes de bootstrap para los individuos del primer y segundo grupo fueron de 95 a 100, dándoles un buen grado de estabilidad a su posición dentro del árbol. El tercer grupo que contiene a los híbridos de *Tagetes coronopifolia* + *Tagetes parryi* tiene un valor de bootstrap de 61, lo cual lo hace menos estable al compararlo con los primeros dos cladogramas. Se puede apreciar que los individuos híbridos se agrupan por la línea masculina, que se indicó en el cuadro 6.

En el segundo dendograma podemos apreciar 7 cladogramas diferentes. Se puede observar que individuos de una misma especie se agrupan en el mismo clado o bien se colocan cerca uno de otro. Los valores de bootstrap para cada uno de los diferentes nodos y cladogramas varían bastante entre sí. El clado A contiene a las especies *T. lunulata* A, *T. lunulata* B, *T. lunulata* C, *T. foetidissima*, *T. multiflora*, *T. coronopifolia*, *T. linifolia* y *T. Sp-Jalisco*. La relación de los tres individuos de *T. lunulata* y *T. foetidissima* presenta 3 valores de bootstrap diferentes. La asociación entre *T. lunulata* A y *T. lunulata* B presenta un grado de bootstrap de 62, mientras que la relación entre *T. lunulata* C y *T. foetidissima* presenta un valor bootstrap de 96. El nodo de ambas ramas presenta un valor de 65. *T. multiflora* y *T. coronopifolia* presentan un valor de bootstrap de 53 pero el nodo del que provienen desde la línea principal del dendograma tiene un valor de 99. *T. linifolia* A y *T. Sp-Jalisco* tienen un valor de 59 y su nodo de origen tiene un valor de 51, mismo nodo que da origen al resto del clado A. El clado B contiene a las especies de *T. lemmonii*, *T. stenophylla*, *T. patula* A, *T. patula* B, *T. persicaefolia* y *T. erecta*, y surge de un nodo a partir de la línea básica del dendograma, este nodo posee un valor bootstrap de 2 por lo cual es muy poco estable y es probable que su posición en el árbol este equivocada. Justo

después de este nodo surge otro del cual se desprenden el resto de los individuos que contiene el clado B, tiene un valor bootstrap de 20 y se extiende dando lugar a otros nodos que desprenden a los individuos *T. patula* B, *T. patula* A, *T. persicaefolia* y *T. erecta* con un valor bootstrap de 96, 58 y 46 respectivamente, mientras que la asociación entre *T. lemmonii* y *T. stenophylla* tiene un valor bootstrap de 48. El clado C contiene a *T. moorei*, *T. parryi* A y *T. parryi* B. Este clado agrupa en una sola rama a los 2 individuos de *T. parryi* y los asocia con *T. moorei* con un valor estable del 97 por ciento. Los siguientes clados D, E, F y G son los más pequeños, y muestran la asociación entre las especies *T. minuta*, *T. terniflora*, *T. laxa*, *T. lucida* A y B, *T. arenicola*, *T. filifolia* A, B y C, *T. micrantha* y *T. subulata*. De estos últimos clados, el que presenta mejores valores de estabilidad (bootstrap) es el clado D, con un valor del 80 por ciento. El resto de los clados tienen un valor de entre 30 y 65 por ciento de estabilidad, dependiendo del individuo. Finalmente y en la base del dendograma se encuentra *Strotheria gypsophila* la cual se uso como individuo externo y de cuyo nodo surge el resto del dendograma. *Strotheria gypsophila* pertenece al género *Strotheria* y junto al género *Tagetes*, ambos pertenecen a la tribu *Tageteae* (Loockerman y col., 2003).

En base a datos de caracteres morfológicos, Turner (1996), Soule (1996) y Serrato (2010), establecieron una posible relación entre las especies *T. patula* y *T. erecta*, y entre *T. lunulata* y *T. foetidissima*, considerándolas como variedades de una misma especie. Esta relación se presenta en la figura 13, que nos muestra un dendograma basado en los datos de los autores mencionados. Al comparar este dendograma con el que fue realizado mediante ITS, podemos ver que la asociación de *T. lunulata* con *T. foetidissima* y la asociación de *T. patula* y *T. erecta* se comprueba con el análisis de estos marcadores.



Turner (1996), Soule (1996), Serrato (2010).

Figura 13. Dendrograma que muestra la relación entre 4 especies del género *Tagetes* basándose en caracteres morfológicos.

En el dendrograma de ITS, *T. lunulata* C se agrupa en la misma rama con *T. foetidissima*, mientras que *T. erecta* se junta con *T. persicaefolia* en la misma rama, muy cerca de *T. patula* A y B.

5.4. Matriz de divergencia genética para los marcadores ITS.

En la figura 14 se muestra una matriz de divergencia genética elaborada con el programa Mega 5. De manera general, los factores de divergencia aumentan conforme nos alejamos de un individuo cualquiera. Este aumento en la divergencia se corresponde con la estructura del árbol filogenético y con la posición de los clados. Los factores de divergencia de la especie *Strotheria gypsophila* son los más altos de toda la matriz, lo cual se corresponde con el hecho de que *Strotheria* pertenece a un género distinto (Loockerman y col., 2003).

Individuos.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	
1- <i>T. lunulata</i> A																														
2- <i>T. lunulata</i> B	0.015																													
3- <i>T. lunulata</i> C	0.063	0.073																												
4- <i>T. foetidissima</i>	0.015	0.024	0.054																											
5- <i>T. multiflora</i>	0.034	0.044	0.084	0.037																										
6- <i>T. coronopifolia</i> A	0.015	0.024	0.071	0.021	0.030																									
7- <i>T. linifolia</i> A	0.138	0.147	0.187	0.139	0.147	0.132																								
8- <i>T. sp-atalisco</i>	0.279	0.283	0.319	0.288	0.299	0.282	0.317																							
9- <i>T. lemmoni</i>	0.075	0.076	0.129	0.080	0.087	0.071	0.167	0.270																						
10- <i>T. stenophylla</i>	0.097	0.106	0.153	0.111	0.109	0.103	0.187	0.271	0.072																					
11- <i>T. persicaefolia</i>	0.065	0.073	0.119	0.078	0.089	0.069	0.160	0.269	0.054	0.076																				
12- <i>T. erecta</i>	0.072	0.076	0.120	0.078	0.093	0.077	0.160	0.280	0.059	0.081	0.011																			
13- <i>T. patula</i> A	0.076	0.085	0.125	0.085	0.090	0.078	0.164	0.276	0.062	0.079	0.019	0.018																		
14- <i>T. patula</i> B	0.077	0.084	0.129	0.088	0.101	0.082	0.168	0.277	0.073	0.099	0.036	0.034	0.039																	
15- <i>T. moorei</i>	0.075	0.090	0.128	0.079	0.088	0.077	0.171	0.272	0.061	0.093	0.063	0.069	0.066	0.086																
16- <i>T. garryi</i> A	0.072	0.082	0.128	0.078	0.089	0.068	0.169	0.265	0.054	0.089	0.054	0.056	0.061	0.074	0.036															
17- <i>T. garryi</i> B	0.076	0.083	0.133	0.083	0.086	0.075	0.173	0.266	0.054	0.083	0.058	0.061	0.060	0.080	0.039	0.017														
18- <i>T. minuta</i>	0.090	0.102	0.140	0.092	0.099	0.097	0.194	0.316	0.097	0.103	0.097	0.094	0.099	0.113	0.084	0.086	0.086													
19- <i>T. teniflora</i>	0.090	0.094	0.147	0.095	0.109	0.089	0.198	0.308	0.074	0.106	0.091	0.098	0.103	0.110	0.086	0.082	0.089	0.046												
20- <i>T. laxa</i>	0.091	0.100	0.145	0.093	0.099	0.096	0.196	0.303	0.084	0.108	0.094	0.099	0.104	0.116	0.077	0.085	0.089	0.038	0.020											
21- <i>T. lucida</i> A	0.147	0.150	0.202	0.155	0.165	0.151	0.262	0.305	0.147	0.170	0.136	0.142	0.154	0.149	0.144	0.143	0.147	0.152	0.157	0.152										
22- <i>T. arenicola</i>	0.135	0.141	0.186	0.143	0.164	0.141	0.253	0.306	0.128	0.162	0.127	0.133	0.143	0.140	0.136	0.132	0.135	0.150	0.144	0.156	0.029									
23- <i>T. lucida</i> B	0.138	0.144	0.187	0.141	0.163	0.139	0.246	0.309	0.127	0.160	0.125	0.133	0.138	0.143	0.131	0.133	0.137	0.151	0.147	0.151	0.029	0.029								
24- <i>T. filifolia</i> A	0.162	0.171	0.206	0.162	0.181	0.168	0.273	0.327	0.155	0.189	0.158	0.159	0.165	0.171	0.148	0.155	0.155	0.174	0.175	0.178	0.060	0.067	0.055							
25- <i>T. micrantha</i>	0.136	0.147	0.187	0.142	0.157	0.146	0.254	0.308	0.134	0.164	0.132	0.137	0.140	0.148	0.131	0.134	0.136	0.153	0.150	0.155	0.045	0.048	0.041	0.025						
26- <i>T. filifolia</i> B	0.140	0.154	0.191	0.144	0.166	0.146	0.260	0.319	0.148	0.172	0.140	0.142	0.148	0.153	0.139	0.134	0.138	0.154	0.162	0.159	0.055	0.054	0.042	0.035	0.015					
27- <i>T. subulata</i>	0.247	0.257	0.280	0.249	0.269	0.250	0.328	0.449	0.256	0.281	0.232	0.225	0.240	0.246	0.246	0.236	0.255	0.260	0.261	0.256	0.215	0.222	0.209	0.221	0.206	0.209				
28- <i>T. filifolia</i> C	0.312	0.325	0.337	0.320	0.331	0.313	0.424	0.487	0.323	0.341	0.312	0.308	0.308	0.322	0.315	0.296	0.306	0.321	0.323	0.330	0.217	0.229	0.220	0.199	0.199	0.195	0.222			
29- <i>S. gypsophila</i>	2.401	2.349	2.518	2.460	2.326	2.385	2.279	2.778	2.181	2.226	2.153	2.153	2.204	2.391	2.204	2.146	2.174	2.202	2.047	2.072	2.064	2.049	2.155	2.002	2.066	2.057	2.047	2.303		

Figura 14. Matriz de divergencia genética para los marcadores ITS.

5.5. Resultados del análisis de ISSR (microsatélites).

Para el análisis ISSR se emplearon 3 cebadores: 5´GATA, 5´GACA y 5´TCC, que se aplicaron a 164 muestras de ADN de ejemplares del género *Tagetes*. En las figuras 15, 16 y 17 se muestran fotos de geles de agarosa con patrones de bandas de un mismo conjunto de individuos tras el análisis ISSR con los 3 cebadores mencionados. Las bandas amplificadas se encuentran enmarcadas en cuadros rojos. Se indica también el peso de las bandas de la escalera molecular donde hubo amplificación de fragmentos ISSR. Los números en la parte superior de cada fotografía fueron asignados de manera arbitraria a cada muestra, con el fin de facilitar su identificación durante los análisis ISSR. La correspondencia de especies por cada número se muestra a continuación en el cuadro 17, y es la misma para cada una de las figuras subsecuentes.

Cuadro 17. Correspondencia entre los números en las fotos de ISSR y sus respectivas especies.

1	<i>T. spp</i>	11	<i>T. foetidissima</i>	21	<i>T. erecta</i>	31	<i>T. micrantha</i>	41	<i>T. spp</i>
2	<i>T. spp</i>	12	<i>T. foetidissima</i>	22	<i>T. miroglossa</i>	32	<i>T. micrantha</i>	42	<i>T. linifolia</i>
3	<i>T. spp</i>	13	<i>T. foetidissima</i>	23	<i>T. miroglossa</i>	33	<i>T. micrantha</i>	43	<i>T. subulata</i>
4	<i>T. spp</i>	14	<i>T. erecta</i>	24	<i>T. spp</i>	34	<i>T. micrantha</i>	44	<i>T. spp</i>
5	<i>T. spp</i>	15	<i>T. erecta</i>	25	<i>T. foetidissima</i>	35	<i>T. micrantha</i>	45	<i>T. spp</i>
6	<i>T. spp</i>	16	<i>T. remotiflora</i>	26	<i>T. micrantha</i>	36	<i>T. filifolia</i>	46	<i>T. filifolia</i>
7	<i>T. spp</i>	17	<i>T. lunulata</i>	27	<i>T. micrantha</i>	37	<i>T. spp</i>	47	<i>T. miroglossa</i>
8	<i>T. spp</i>	18	<i>T. spp</i>	28	<i>T. micrantha</i>	38	<i>T. spp</i>	48	<i>T. filifolia</i>
9	<i>T. spp</i>	19	<i>T. filifolia</i>	29	<i>T. lucida</i>	39	<i>T. filifolia</i>	49	<i>T. filifolia</i>
10	<i>T. spp</i>	20	<i>T. filifolia</i>	30	<i>T. moorei</i>	40	<i>T. filifolia</i>	50	<i>T. filifolia</i>

Cebador ISSR 5´GATA



Figura 15. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador ISSR 5´GATA.

Cebador ISSR 5'GACA

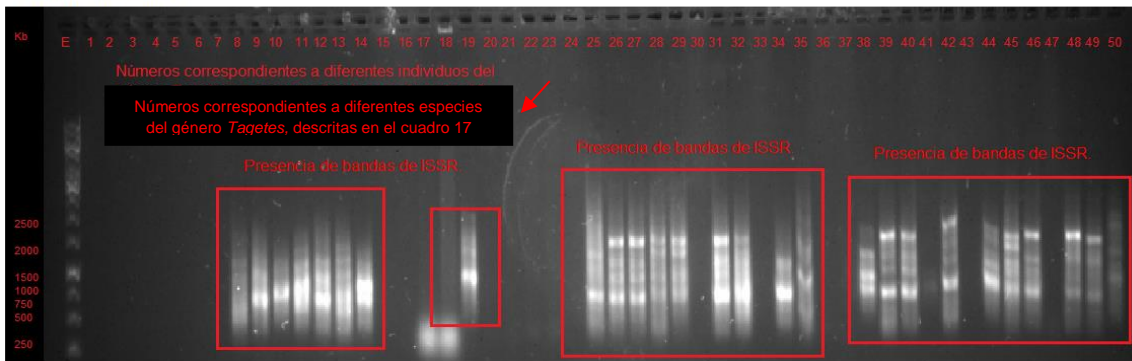


Figura 16. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador ISSR 5'GACA.

Cebador ISSR 5'TCC

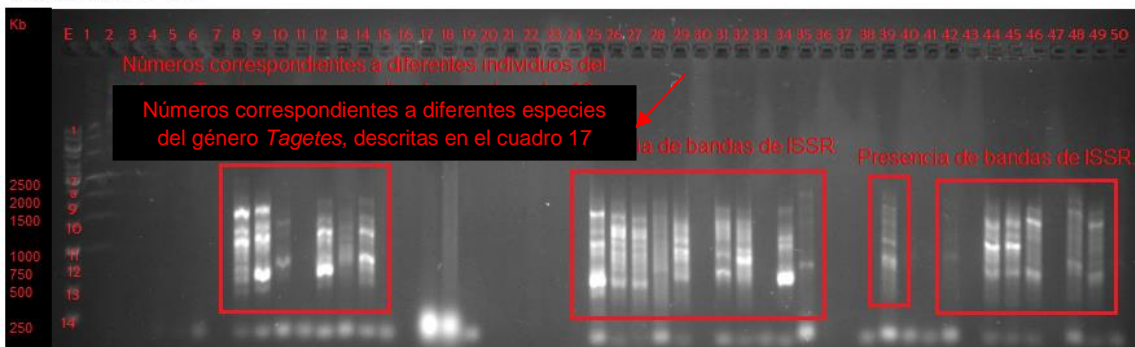


Figura 17. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador ISSR 5'TCC.

5.6. Matriz de cero y uno para los marcadores ISSR.

Con la ayuda de las fotografías de los geles de agarosa, se elaboro una matriz de cero y uno para los tres cebadores utilizados. Con ayuda de la escalera de peso molecular, se establece un cero cuando hay ausencia de bandas y un uno cuando hay presencia de bandas. La ausencia de bandas significa que dichos microsatélites son recesivos y por alguna modificación en su secuencia, no fueron amplificadas.

5.7. Dendogramas basados en marcadores ISSR.

Las matrices de cero y uno se introdujeron en el programa R. Se elaboraron 3 árboles filogenéticos, uno para cada cebador. Para la elaboración de los árboles filogenéticos, se utilizó el método de Neighbor Joining que permite el agrupamiento y jerarquización de los individuos, en base a su patrón de bandas. Además se produjeron 2 gráficos PCA (principal component analysis) mostrados en las figuras 21 y 22, que engloban los datos de las 3 matrices de ISSR. Este tipo de análisis matemático, agrupa aquellos datos que comparten alguna característica en común, y nos permite saber que datos explican la mayor parte del funcionamiento de un sistema. El primer gráfico de PCA nos permite observar la forma en que se relacionan los diferentes individuos analizados en base a su patrón de bandas. El segundo gráfico de PCA nos permite conocer el grado de conservación de las bandas de ISSR, cuáles presentan mayor variabilidad y cuáles bandas son informativas y cuáles son recesivas. En las figuras 18, 19 y 20 se pueden observar 3 árboles filogenéticos, cada uno correspondiente a un cebador de microsatélite diferente.

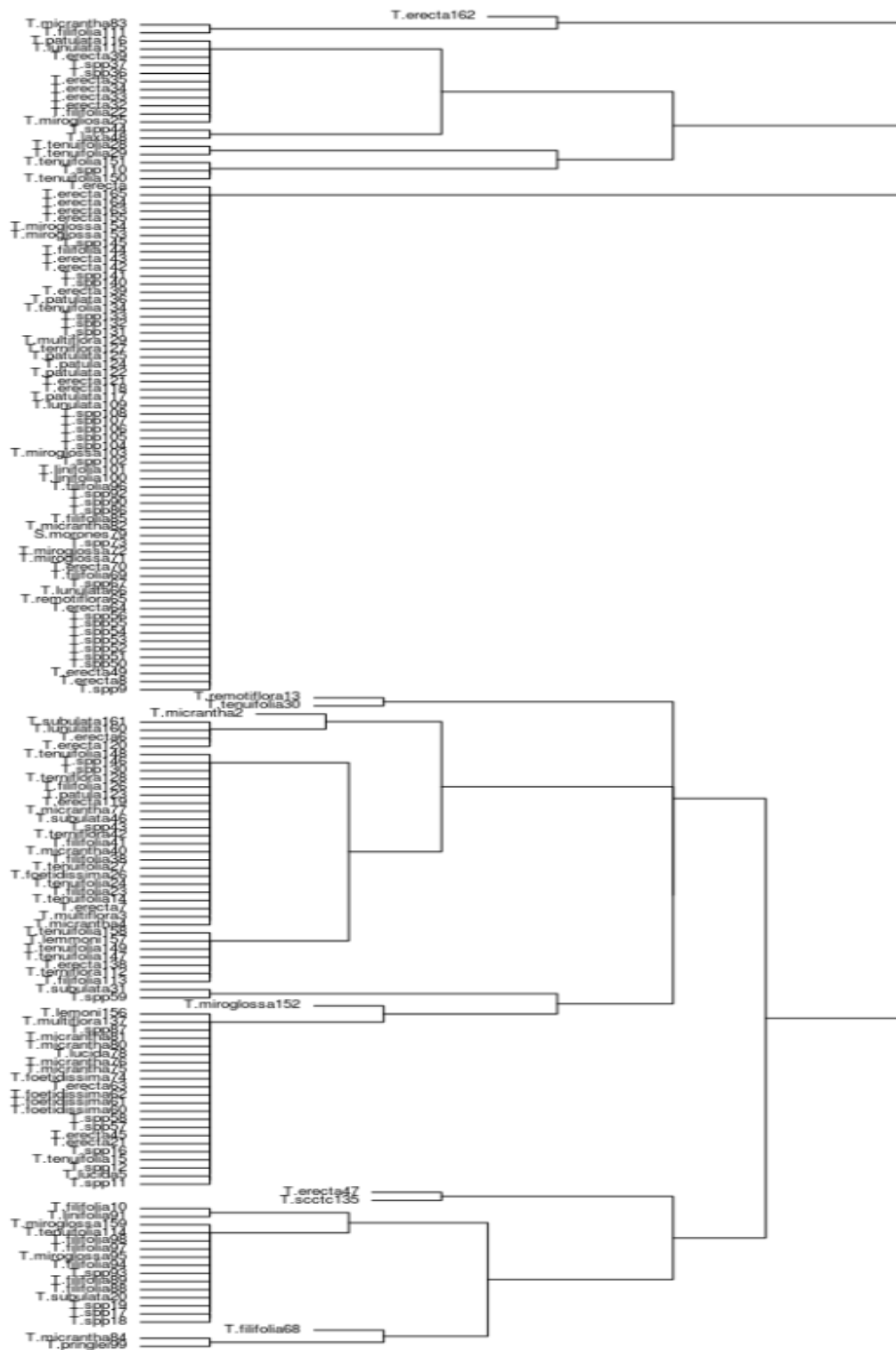


Figura 19. Dendrograma del cebador 4: 5'GACA. Se pueden observar 6 clados principales, los cuáles contienen un total de 20 ramificaciones. Algunas de estas ramificaciones contienen a un solo individuo y otras agrupan a varios individuos de diferentes especies.

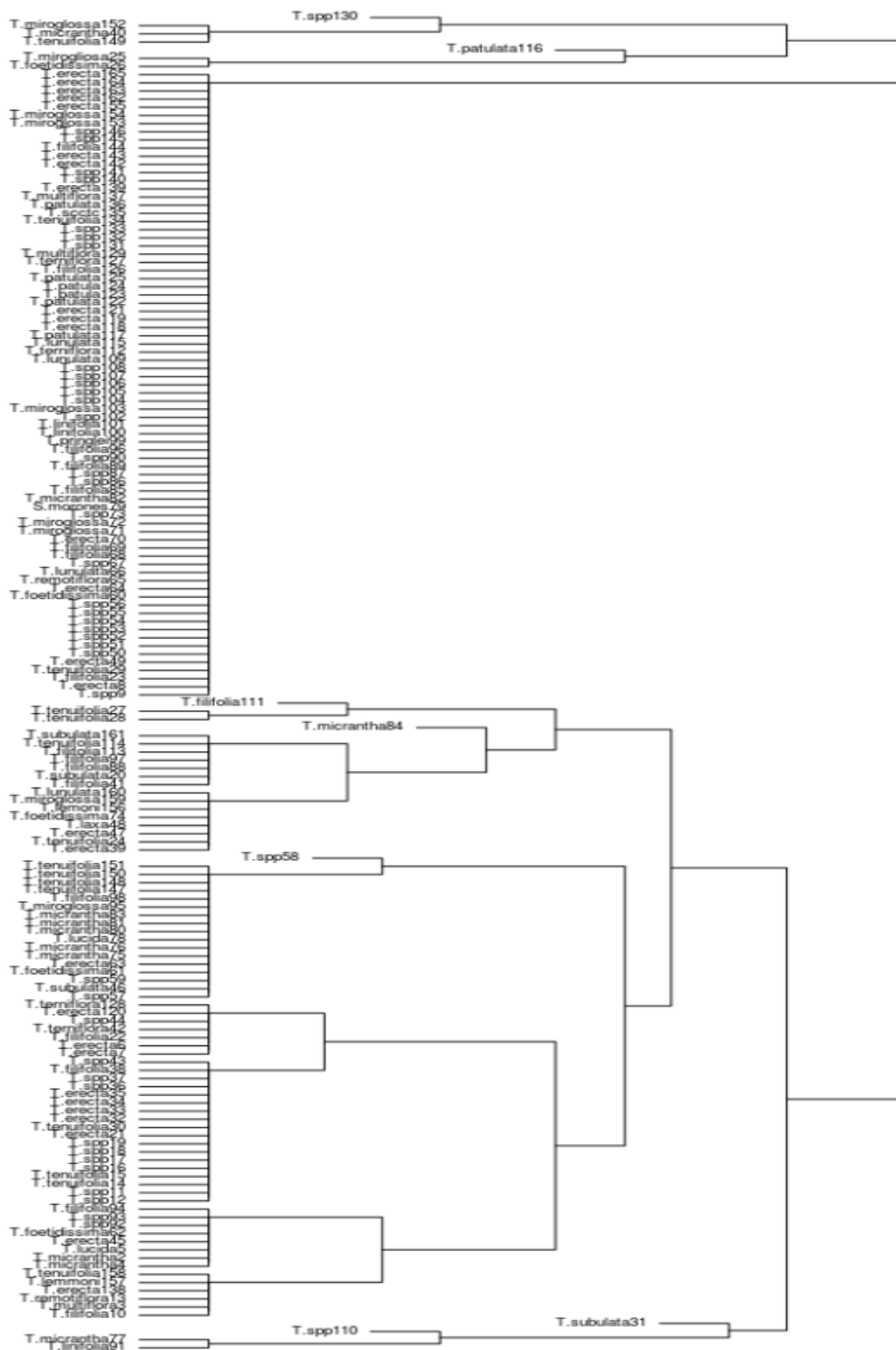


Figura 20. Dendrograma del cebador 6: 5 TCC. Se pueden observar 4 clados principales, los cuáles contienen un total de 19 ramificaciones. Algunas de estas ramificaciones contienen a un solo individuo y otras agrupan a varios individuos de diferentes especies.

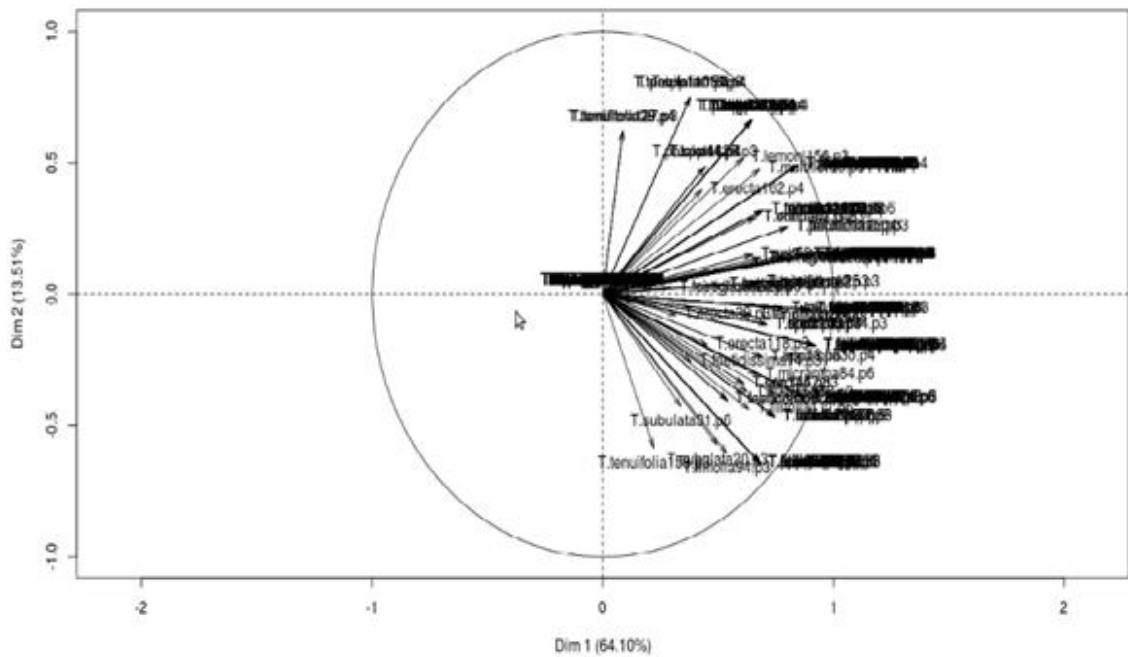


Figura 21. Gráfico de PCA que muestra el agrupamiento de diferentes individuos del género *Tagetes*, en base al patrón de bandas generado por los cebadores ISSR. Este gráfico engloba los datos producidos por los 3 marcadores ISSR mencionados previamente: 5´GATA, 5´GACA y 5´TCC. Se puede observar que todos los datos se agrupan en una sola dimensión, aunque presentan diferentes posiciones en esa sección del gráfico. De esta manera, el gráfico nos muestra que los 3 marcadores ISSR utilizados presentan un comportamiento similar y que se encuentran relativamente conservados.

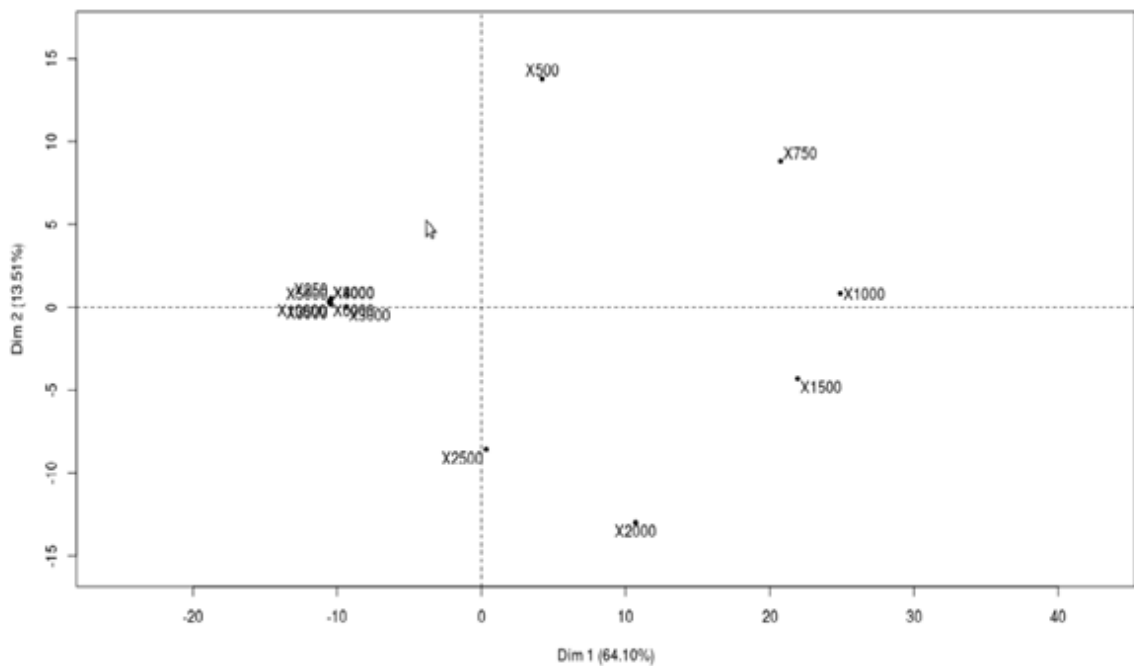


Figura 22. Gráfico de PCA que muestra el comportamiento de las bandas producidas por los 3 cebadores de ISSR utilizados. En este gráfico se pueden observar dos dimensiones. La dimensión de la derecha contiene aquellas bandas informativas, de las cuáles las bandas a 750, 1000 y 1500 pares de bases son las más conservadas, mientras que las bandas a 500, 2000 y 2500 pares de bases son las que presentan mayor variabilidad. En la dimensión derecha se observan agrupadas en un solo punto, las bandas recesivas, es decir, aquellas que no amplificaron durante el análisis ISSR.

5.9. Resultados del análisis de RAPD.

En este análisis se utilizaron 96 muestras de ADN de diferentes individuos del género *Tagetes*, utilizando el cebador OPM4. Las bandas RAPD de cada individuo se visualizaron en un gel de agarosa 2%. Con las fotos de cada gel se elaboro una matriz de cero y uno. Con estas matrices se elaboro un dendograma y se hizo un análisis de PCA que permitió determinar cuáles son las bandas más informativas, que se muestran en la figura 25 y 24 respectivamente. En la figura 23 se puede observar una fotografía de un gel de agarosa 2%, donde se puede apreciar el patrón de bandas generado por el marcador RAPD, OPM4. Los números en la parte superior del gel, corresponden a números de identificación asignados de manera arbitraria a cada una de las muestras, con el fin facilitar su identificación durante el análisis RAPD. La correspondencia de dichos números con sus respectivas especies se muestra en el cuadro 18.

Cuadro 18. Correspondencia entre los números en la fotos de RAPD y sus respectivas especies.

1.- Blanco	26.- <i>T. tenuifolia</i>
2.- <i>T. foetidissima</i>	27.- <i>T. spp</i>
3.- <i>T. mirogliaosa</i>	28.- <i>T. spp</i>
4.- <i>T. erecta</i>	29.- <i>T. remotiflora</i>
5.- <i>T. erecta</i>	30.- <i>T. erecta</i>
6.- <i>T. erecta</i>	31.- <i>T. lucida</i>
7.- <i>T. erecta</i>	32.- <i>T. erecta</i>
8.- <i>T. filifolia</i>	33.- <i>T. erecta</i>
9.- <i>T. tenuifolia</i>	34.- <i>T. micrantha</i>
10.- <i>T. tenuifolia</i>	35.- <i>T. erecta</i>
11.- <i>T. subulata</i>	36.- <i>T. erecta</i>
12.- <i>T. filifolia</i>	37.- <i>T. micrantha</i>
13.- <i>T. tenuifolia</i>	38.- <i>T. filifolia</i>
14.- <i>T. tenuifolia</i>	39.- <i>T. spp</i>
15.- <i>T. multiflora</i>	40.- <i>T. micrantha</i>
16.- <i>T. subulata</i>	41.- <i>T. filifolia</i>
17.- <i>T. tenuifolia</i>	42.- <i>T. erecta</i>
18.- <i>T. erecta</i>	43.- <i>T. erecta</i>
19.- <i>T. spp</i>	44.- <i>T. terniflora</i>
20.- <i>T. spp</i>	45.- <i>T. spp</i>
21.- <i>T. tenuifolia</i>	46.- <i>T. spp</i>
22.- <i>T. filifolia</i>	47.- <i>T. laxa</i>
23.- <i>T. spp</i>	48.- <i>T. erecta</i>
24.- <i>T. spp</i>	49.- <i>T. spp</i>
25.- <i>T. spp</i>	50.- <i>T. subulata</i>

Cebador OPM4: 5' GGCGGTTGTC.

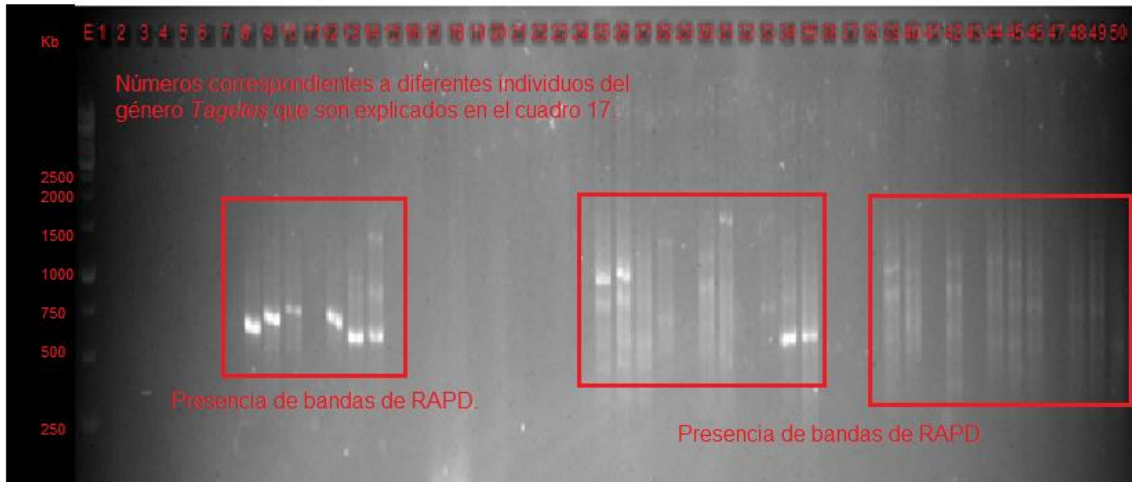


Figura 23. Gel de agarosa que muestra los patrones de bandas producidos por el cebador OPM4: 5' GGCGGTTGTC. Las bandas amplificadas se encuentran enmarcadas en cuadros rojos. Se indicó también el peso de las bandas de la escalera molecular donde hubo amplificación de fragmentos RAPD.

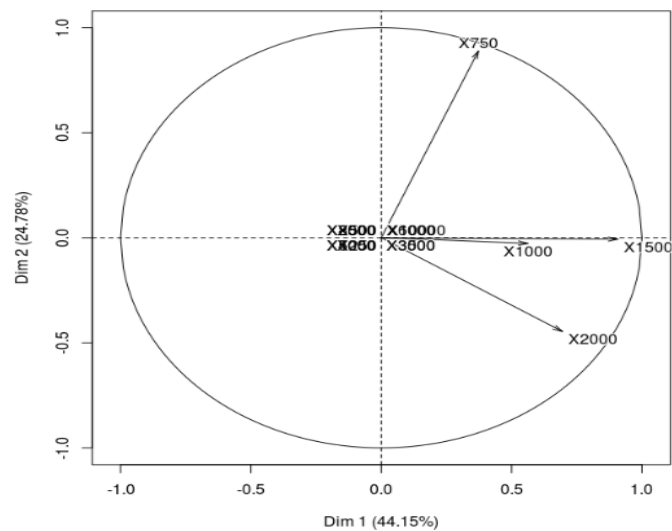


Figura 24. Gráfico de PCA que muestra el comportamiento de las bandas producidas por el iniciador OPM 4. Las bandas que se encuentran más conservadas son las de 1500 y 1000 pares de bases, y después le siguen las bandas de 750 y 2000 pares de bases. El resto de bandas son recesivas.

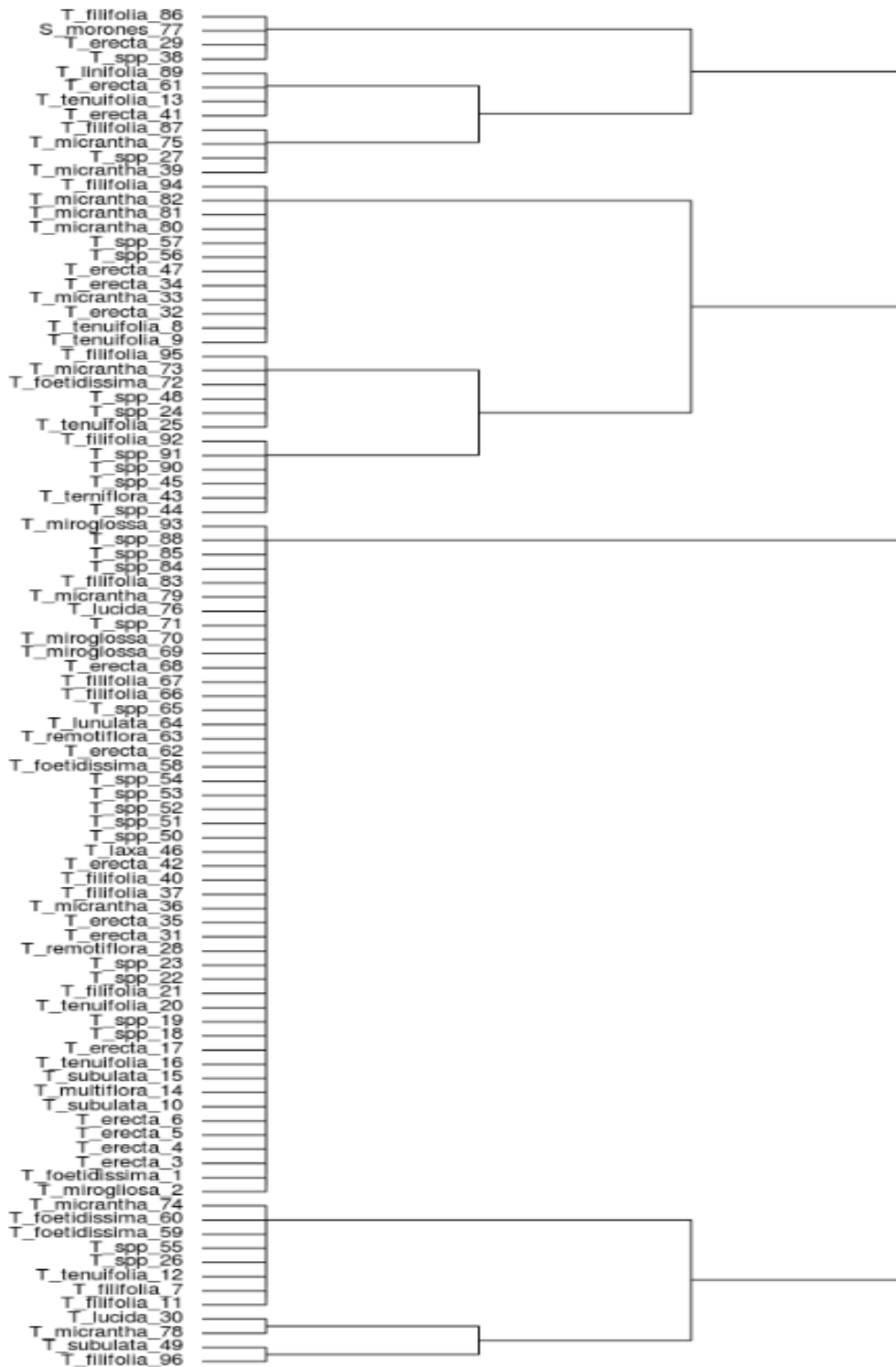


Figura 25. Árbol filogenético obtenido con el cebador OPM4: 5' GGCGGTTGTC. En este árbol se pueden observar 6 clados principales, que agrupan un total de 10 ramificaciones.

6. DISCUSIÓN.

El análisis de ITS se hizo con 35 muestras de diferentes especies de *Tagetes* e individuos híbridos. La extracción del ADN genómico se hizo mediante el método de CTAB, el cual resultó ser el más práctico para la tarea. Varias de las muestras de ADN presentaron una coloración marrón oscuro y amarillo, lo cual es un indicador de la presencia de pigmentos en la suspensión. Dichos pigmentos resultaron ser un problema para la amplificación de los marcadores moleculares mediante PCR. Al cuantificar el ADN genómico de los individuos en el espectrofotómetro Nanodrop, las muestras que presentaban una coloración amarilla o marrón oscuro mostraron un gráfico de UV con varios picos de absorbancia. Estos picos probablemente correspondan a los pigmentos presentes en la muestra. En el caso de aquellas muestras de ADN cuya suspensión era transparente, no presentaban dichos picos en el gráfico de absorbancia UV. La mayor parte de las muestras transparentes y algunas muestras con coloración amplificaron los ITS en un primer intento. Las muestras que presentaron una mayor coloración no amplificaron, por lo cual tuvieron que diluirse. En otros casos las diluciones se lavaron con fenol y cloroformo. Después de estos tratamientos, las muestras fueron útiles para la amplificación de ITS. Tras la amplificación y secuenciación de los fragmentos ITS, se construyeron dos dendogramas utilizando el programa Mega 5.

El dendograma de la figura 11 contiene los agrupamientos de los individuos híbridos. En él se puede observar que los diferentes individuos se agrupan por la línea masculina. Con este resultado podemos pensar que la secuencia ITS y las secuencias de RNA ribosomal fueron heredadas de las plantas macho, y son las que fueron detectadas en este análisis. Campos y col., 2012 hicieron un análisis RAPD con los mismos ejemplares híbridos utilizados en este trabajo, y encontraron que los ejemplares parentales compartían las mismas bandas. Al comparar el resultado de este trabajo con el de Campos y col., 2012 se observa que mediante análisis de biología molecular, ya sea análisis ITS o RAPD podemos establecer las relaciones genéticas entre los materiales de origen y los materiales híbridos.

En el dendograma de la figura 12 se pueden observar los agrupamientos de individuos de diferentes especies de *Tagetes*. Este dendograma es más complejo que el de los híbridos. Nos presenta 7 clados diferentes que fueron etiquetados con letras del alfabeto. El dendograma fue sometido a 2000 pruebas bootstrap para comprobar la estabilidad del dendograma y mostrar la probabilidad de que la estructura del mismo, se aproxime a las relaciones biológicas reales de los ejemplares analizados. Los valores bootstrap para cada clado y nodo de los dendogramas fueron presentados en la sección de Resultados.

El clado A nos presenta a *T. lunulata* C uniéndose en una sola rama con *T. foetidissima* y ambas se presentan a un lado de otra rama que junta a *T. lunulata* A y B. De acuerdo a Soule (1996) y Serrato (2010) se considera que estas 2 especies podrían pertenecer a una sola especie en base a su similitud morfológica, además de reportar que los náhuatl identifican a ambas especies como la planta “Cinco llagas”. Este dato parece confirmarse en este análisis, ya que las pruebas de bootstrap son estables. *T. lunulata* C proviene de Chilpancingo, Gro., mientras que *T. foetidissima* proviene de Motozintla, Chiapas. Finalmente *T. lunulata* A y B fueron encontradas en Teposcolula, Oaxaca y San Luis de la Paz, Gto, respectivamente de acuerdo a lo indicado por el Dr. Miguel Ángel Serrato. El caso de *T. multiflora* y *T. coronopifolia* es bastante interesante, porque éstas dos especies se agrupan en una sola rama a pesar de su ubicación geográfica: *T. multiflora* es una planta nativa de Chile, mientras que *T. coronopifolia* es nativa de México y se encuentra en el centro del país, y al parecer se hallan restringidas a esas 2 zonas geográficas (Serrato, 2010; SIB, 2013). Los ejemplares de *T. multiflora* y *T. coronopifolia* usados en este trabajo provienen de Hayocari, Perú y del Centro de México, respectivamente. Es posible que *T. multiflora* y *T. coronopifolia* pertenezcan a la misma especie o sean variedades de una misma especie, y que en algún momento de su evolución se dispersaron entre México y Sudamérica, para que al llegar a la época actual quedaran separadas y restringidas a su ubicación actual. En lo que respecta al caso de *T. linifolia* y el ejemplar *T. sp-Jalisco*, es posible que esta última sea un ejemplar de *T. linifolia*, sin embargo no lo

podemos concluir. *T. linifolia* es una planta escasa y bastante difícil de encontrar, lo cual complica su adecuada identificación. El ejemplar aquí reportado proviene de Jaltocán, Hidalgo.

En el Clado B, el caso más interesante es quizá el de *T. erecta* y *T. patula*, que de forma similar a *T. foetidissima* y *T. lunulata*, Turner (1996) y Soule (1996) las proponen como miembros de una misma especie y sugieren que *T. patula* pudo haber dado origen a *T. erecta*, situación que no queda muy clara, pues también sugieren que diferentes cruces entre *T. foetidissima*, *T. lunulata* y ejemplares silvestres de *T. erecta* pudieron dar origen a *T. patula*. *T. patula* cuenta con 48 cromosomas mientras que *T. erecta* cuenta con 24 (Pin, 2011; Serrato, 2010), datos que fueron obtenidos mediante cariotipos. Quizás *T. patula* perdió la mitad de sus cromosomas durante un proceso de domesticación que tuvo lugar en el Valle de México, por parte de los indígenas náhuatl (Serrato, 2010). Los ejemplares de *T. erecta* que actualmente son comercializados como plantas de ornato en México son ejemplares de flores grandes y de un color naranja intenso, mientras que en la región de la Huasteca, existen ejemplares de *T. erecta* que presentan flores más pequeñas y de un color amarillo pálido y en algunos casos presentan un color blanco. *T. patula* presenta flores con colores naranjas y tonalidades de amarillo y naranja. Algunos de estos ejemplares presentan flores de un tamaño medio que son más similares a los individuos de *T. erecta*. Los ejemplares de *T. patula* utilizados aquí provienen del estado de Oaxaca, mientras que el ejemplar de *T. erecta* provino de Apaseo, Guanajuato. Es posible que los indígenas hayan llevado a cabo un proceso de domesticación y crianza selectiva de estas plantas, con el fin de generar ejemplares vistosos que tuvieran utilidad como adornos en sus fiestas religiosas. De acuerdo a Serrato (2010) el uso de diferentes especies de *Tagetes* en Mesoamérica data de hace 2 mil años, entre ellas *T. erecta* y *T. patula*. En el árbol filogenético de la figura 12, *T. erecta* se agrupa en la misma rama con *T. persicaefolia*, un ejemplar que algunos autores consideran dentro del género *Adenopappus* como *Adenopappus persicaefolia* (Villareal; 2003), pero que Lockerman y col., (2003) proponen como parte del género *Tagetes*, basado en análisis de ITS y del gen *ndhF*, dato que es confirmado por el análisis presentado en este trabajo, ya que

T. persicaefolia se agrupa con el resto de ejemplares de *Tagetes* al interior del árbol, y no se mantiene separada en una rama independiente como es el caso de *Strotheria gypsophila* que pertenece a un género distinto de *Tagetes*. *T. persicaefolia* es una especie que es nativa del estado de Guanajuato y de Querétaro, y morfológicamente es similar a los ejemplares silvestres de *T. erecta*. Cabe mencionar que el ejemplar de *T. persicaefolia* usado en este trabajo, proviene del estado de Guanajuato, al igual que el ejemplar silvestre de *T. erecta*, con comparten una relación geográfica y posiblemente genética tal como parece demostrar el análisis ITS. *T. persicaefolia* también es similar a ejemplares de *T. foetidissima* y *T. lunulata*. Es importante mencionar que la posición del clado B en la rama principal del árbol, tiene un valor de 2, lo cual se considera inestable así que es posible que este clado debiera unirse a sus clados vecinos, el clado A y el clado C. De esta manera se conformaría un grupo con ejemplares morfológicamente similares y cuyo lugar de origen se supone en regiones geográficas cercanas, como son el centro de México, el Bajío y la Huasteca. El clado B también cuenta con las especies *T. lemmonii* y *T. stenophylla* de tipo silvestre y que se unen en una sola rama, podrían considerarse como variedades de una misma especie. De *T. stenophylla* no existen muchos datos, salvo que es posible encontrarla en zonas del Bajío y del Centro de México, mientras que *T. lemmonii* es nativa de Sonora (Serrato, 2010). Los ejemplares aquí trabajados son de Guanajuato y del rancho “La Bellota”, Sonora.

En el clado C se encuentran 3 ejemplares de *Tagetes*, dos de *T. parryi* y un ejemplar de *T. moorei*, está última considerada una especie en peligro de extinción, pues es nativa de la Sierra Gorda de Querétaro y existen muy pocos ejemplares. El valor bootstrap de los nodos de este clado es cercano a 100 por lo cual es muy estable. Morfológicamente son bastante similares a *T. persicaefolia*, de la misma región del bajío.

En el clado D se encuentran tres especies, un ejemplar de *T. minuta* proveniente de Sonora, un ejemplar de *T. terniflora* de Huaycán, Perú y un ejemplar argentino de *T. laxa*. Estos dos últimos ejemplares, *T. terniflora* y *T. laxa* se unen en una misma rama, y *T. minuta* se desprende de un nodo previo y queda

como pariente cercano. En México, *T. terniflora* se encuentra en Chiapas. Los valores bootstrap de este clado son estables, por lo cual su estructura tiene sentido, ya que la ubicación geográfica de *T. terniflora* es relativamente más cercana a *T. laxa*, a diferencia de *T. minuta* que se localiza al norte de México. En la base de datos de la CONABIO (2012), *T. minuta* es identificada como nativa de Sudamérica, al igual que *T. terniflora*, que también se encuentra registrada en la base de datos de SIB (2013) de Argentina como planta nativa de la región. De acuerdo a Serrato (2010) es posible que los ejemplares de *T. minuta* y *T. terniflora* fueran introducidas en México desde Sudamérica a causa de movimientos comerciales y migratorios durante la época prehispánica y virreinal, mientras que los ejemplares de *T. laxa* permanecieron en Sudamérica.

El Clado E contiene a tres individuos, dos de *T. lucida* provenientes de Talpa, Jalisco y un individuo de *T. arenícola* proveniente de Guerrero. *T. lucida* es conocida por los náhuatl como Yiahutli y es muy similar morfológicamente a *T. arenícola* (Serrato, 2010).

El clado F y G se compone de individuos de las especies *T. subulata*, *T. micrantha* y *T. filifolia*, las cuales son similares en cuanto a morfología, salvo por algunas características puntuales en el tamaño del tallo y la cantidad de flores, además que de forma tradicional, estas especies son reconocidas como “anisillo” o “Anís del monte” (Serrato y Barajas, 2006; Serrato, 2010). El valor bootstrap de estos clados es de 28, por lo cual no es muy estable, y es posible que pudieran unirse en un solo clado. De forma general se considera a la región geográfica de Jalisco y Michoacán, como lugar de origen de estas especies. Los ejemplares utilizados en este análisis provienen de otras zonas; *T. filifolia* A, viene de Jaltocán, Hidalgo, *T. filifolia* B es de Tamasopo, S.L.P. y *T. filifolia* C de Xilitla, S.L.P., el ejemplar de *T. micrantha* proviene del Rancho “El Represo” ubicado en Ures, Sonora, mientras que *T. subulata*, proviene de Zapopan, Jalisco. Finalmente y en la base del árbol filogenético tenemos a la planta *S. gypsophila*, único miembro del género *Strotheria*, y que fue identificada como originaria del estado de Nuevo León, México (Turner, 1972).

Las especies del género *Tagetes* son bastante parecidas en cuanto al color de sus flores se refiere, sin embargo varían en cuanto al tamaño de su tallo, la

estructura de sus ramificaciones, número de hojas y flores. En el análisis ITS podemos observar que las diferentes especies de *Tagetes* se agrupan en clados con algunas características morfológicas y lugar de origen común. Por ejemplo, las especies del clado F y G, *T. filifolia*, *T. micrantha* y *T. subulata* tienen un tamaño de tallo de entre 10 y 40 cm, con flores de 3.5 a 7 mm, con su lugar de origen posiblemente en Jalisco o Michoacán, estados donde se encuentran en mayor abundancia. El clado D agrupa especies que son nativas de Sudamérica, y que también presentan un tamaño de tallo de hasta 1.5 mt de altura y que al parecer fueron introducidas en México entre el periodo prehispánico y la época virreinal (Serrato, 2010). En comparación, las especies del Clado A, B y C presentan un tamaño de tallo que va desde los 30 cm hasta 100 cm y que comparten un uso histórico en la región del Valle de México y el Bajío.

De acuerdo a lo observado en el dendograma de la figura 12, parece ser que el género *Tagetes* presento 2 eventos de radiación adaptativa. El primero pudo surgir del Clado F y G hacia Sudamérica dando lugar a especies como *T. minuta*, *T. terniflora* y *T. laxa* del clado D y quizás produciendo también a *T. multiflora* y *T. coronopifolia* del clado A. Todos estos ejemplares mencionados presentan flores pequeñas de entre 1 mm a 4 mm. El segundo evento de radiación adaptativa, pudo haber dado origen a los ejemplares silvestres de los clados A, B y C como *T. lunulata*, *T. foetidissima*, *T. moorei*, *T. parryi* y *T. persicaefolia*, y que posiblemente dieron lugar a *T. erecta* y *T. patula* tras un proceso de domesticación (Serrato, 2010). Estos ejemplares presentan un tamaño de flor de entre 5 a 15 mm, más grande que los ejemplares del Clado D, F y G.

La posición del clado E y las especies *T. multiflora* y *T. coronopifolia* resaltan con estos eventos. El clado E presenta características morfológicas más cercanas a los clados A, B y C, además de un uso histórico relacionado, pues *T. lucida* o Yahutli, era utilizada por los indígenas como remedio medicinal y planta aromática. Sin embargo el clado E se posiciona entre el clado D, F y G. El caso de *T. multiflora* y *T. coronopifolia* es similar, pues se encuentran al interior del clado A y sin embargo pudieron originarse en un primer evento de radiación

adaptativa como se menciono anteriormente, o bien haberse extendido hacia Sudamérica de manera independiente.

Al observar los resultados de la comparación de nuestras secuencias en el programa BLAST, podemos apreciar que en algunos casos la caracterización molecular identifica una especie diferente de la caracterización morfológica. Como es el caso de *T. coronopifolia*, *T. erecta*, *T. foetidissima* y *T. linifolia* que son identificadas por BLAST como *T. patula*. Ocurre lo mismo con otras secuencias, como *T. stenophylla* que es identificada como *T. foetidissima*, *T. terniflora* que es identificada como *T. laxa*, *T. arenicola* que es identificada como *T. lucida*, *T. lemmonii* que es identificada como *T. parryi* y *T. micrantha* que es identificada como *T. filifolia*. Algo interesante al observar esto, es que aún cuando los resultados de identificación molecular mediante BLAST son diferentes de la caracterización morfológica, las especies similares presentadas por BLAST se encuentran en los mismos clados indicados en el dendograma de la figura 12. Por ejemplo, *T. patula* se encuentra en el mismo clado que *T. coronopifolia*, *T. erecta*, *T. foetidissima* y *T. linifolia*. Lo mismo ocurre con las demás especies. *T. arenicola* comparte el clado E con *T. lucida*, *T. micrantha* comparte el clado F con *T. filifolia*, mientras que *T. terniflora* comparte el clado D con *T. laxa*. Por otra parte, *T. lemmonii* no se encuentra en el mismo clado que *T. parryi*, sin embargo como se menciono previamente, es posible que el clado A, B y C a los que pertenecen, debieran unirse en uno solo. En situación similar están *T. stenophylla* y *T. moorei*. En lo que respecta a las secuencias de *T. lunulata* y *T. persicaefolia*, éstas fueron aceptadas en Genbank como *T. patula* y *A. persicaefolius* respectivamente, lo cual señala la falta de estandarización en la taxonomía del género *Tagetes*. Por otra parte, la comparación de las secuencias de los individuos híbridos es interesante porque BLAST arrojó similitudes con secuencias de *T. patula*, *T. laxa* y *T. parryi* que son cercanas a los parentales. El resto de las secuencias coincidieron en el análisis morfológico y molecular, en parte por “auto-similitud” ya que varias de las secuencias comparadas fueron admitidas en Genbank y mostraron un 100% de similitud consigo mismas, y en otros casos resultaron muy similares a secuencias de la misma especie, previamente reportadas por otros autores.

El análisis de microsatélites se hizo con un total de 164 individuos de diferentes especies del género *Tagetes*, utilizando tres cebadores diferentes como se ha mencionado anteriormente. En los 3 dendogramas producidos podemos observar que los individuos no se agrupan de acuerdo a su especie, y más bien se encuentran dispersos a lo largo del árbol agrupándose con individuos de diferentes especies. De acuerdo al análisis de PCA, las bandas que casi siempre se presentan y conservan en cada uno de los individuos de *Tagetes*, son las que se encuentran entre los 750 y los 1500 pares de bases. Las bandas que se encuentran a 500, 2000 y 2500 pares de bases son las que nos presentan mayor variabilidad, y no se encuentran presentes en todos los individuos de *Tagetes* analizados. Al interior de un grupo o especie, estas tres bandas son las que hacen que el patrón de bandeo entre los individuos de una misma especie varíe, y hace que se dispersen a lo largo del dendograma, en vez de agruparse de acuerdo a su especie. Este fenómeno ocurre al utilizar los tres cebadores, que presentan las mismas bandas conservadas, entre 750, 1000 y 1500 pares de bases. Estas diferencias en el patrón de bandas de cada individuo podrían tener diferentes causas como: la no existencia de un sitio de unión completo al primer debido a una mutación, rearrreglos estructurales en el cromosoma durante la meiosis e inserciones o deleciones suficientemente grandes como para aumentar o disminuir el tamaño de la banda de manera que se identifica como un locus diferente (González y Aguirre, 2007).

Por otra parte, como se menciono anteriormente, los 3 microsatélites utilizados, 5'GACA, 5'GATA y 5'TCC presentan las mismas bandas conservadas, por lo cual podemos asumir que han presentado el mismo grado de mutabilidad a lo largo de su historia evolutiva, lo cual puede ser un indicativo de que las diferentes especies divergieron hace relativamente poco tiempo. También es importante señalar que al analizar cada dendograma de ISSR por separado, podemos observar que presentan diferente número de clados y ramificaciones. El dendograma generado con el cebador 5'GATA presenta 6 clados principales que agrupan 30 ramificaciones distintas, mientras que el dendograma de 5'GACA también presenta 6 clados principales que agrupan 20 ramificaciones diferentes. El dendograma de 5'TCC presenta solo 4 clados con 19

ramificaciones. Por ramificaciones nos referimos a subgrupos dentro de los clados más grandes. Al observar esto, podemos pensar que el grado de mutaciones en el microsatélite 5´GATA y 5´GACA ha sido mucho mayor que en el microsatélite 5´TCC.

Al analizar el dendograma del marcador RAPD: OPM4, se observa que también los individuos de diferentes especies de *Tagetes* se encuentran dispersos en el dendograma. Es interesante pues presenta una estructura similar a la de los dendogramas generados con los microsatélites, ya que está formado por 6 clados, pero solo contiene 10 ramificaciones o subgrupos. En este punto es necesario señalar que el análisis de RAPD, fue hecho con menos individuos que el análisis de ISSR y con un solo cebador, el OPM4 y debido a esto es difícil hacer una comparación adecuada entre los resultados obtenidos con RAPD e ISSR hasta el momento. Es posible que al aumentar el número de individuos analizados y al utilizar otros cebadores tipo RAPD, los resultados sean similares a los obtenidos con ISSR. Hasta ahora podemos suponer que la tasa de mutabilidad en el marcador RAPD, OPM4 es relativamente baja.

La caracterización molecular de ejemplares del género *Tagetes* realizada en este trabajo utilizando marcadores ITS, RAPD e ISSR, ha permitido establecer relaciones de parentesco entre los individuos analizados y señalar posibles eventos que moldearon su proceso evolutivo. Estos resultados pueden servir como una guía para futuras investigaciones sobre el género, como la identificación de posibles individuos ancestrales, cuyas características puedan utilizarse para la generación de individuos de *Tagetes* transgénicos, que tengan utilidad en la industria alimentaria y farmacéutica, entre otras. También se abre la posibilidad a un método para la identificación de variedades de *Tagetes* mediante el uso de marcadores RAPD y microsatélites, similar al estudio realizado por Campos y col. 2012.

Es importante que se dé continuación a la caracterización de los ejemplares del género *Tagetes*, pues no han sido identificados de manera apropiada. Existen gran cantidad de materiales distribuidos en Sudamérica, Pakistán, India y China y otras regiones de Asia, que muy posiblemente provienen de México, como *T. erecta*, *T. patula* y *T. minuta*, y que han sido integradas en la cultura de dichos

países. Por otra parte no existe una nomenclatura estandarizada entre los investigadores del género, que facilite la identificación de sus ejemplares. En esta situación se encuentran algunas especies como *T. erecta*, *T. patula*, y *T. tenuiflora*, cuyo nombre se encuentra como sinónimo de *T. corymbosa*, *T. major*, *T. signata* y *T. remotiflora*, en la base de datos SIIT (2013). A esto hay que sumarle el hecho de que varias especies parecen estar en peligro de extinción, debido a su explotación por parte de los lugareños, como es el caso de *T. moorei* y *T. linifolia*. Es importante establecer métodos de identificación fiables para lograr una estandarización de la taxonomía del género *Tagetes* y así, asegurar la preservación de estas especies y su aprovechamiento por parte de la sociedad.

7. CONCLUSIONES.

El uso de la técnica de CTAB permitió la extracción de ADN de diferentes especies del género *Tagetes*.

El análisis de marcadores ITS permitió identificar individuos de especies del género *Tagetes* y establecer sus relaciones de parentesco de manera coherente con los datos presentados hasta el momento por otros autores y que están basados en análisis morfológicos.

La comparación de las secuencias ITS en el programa BLAST, por un lado permitió corroborar la identidad de las especies aquí analizadas y por otro, arrojó similitud con especies geográfica y genéticamente relacionadas.

Los análisis ISSR y RAPD permiten inferir la tasa de mutabilidad y divergencia del género *Tagetes*, producto del medio ambiente y la actividad humana, que podrían estar afectando su desarrollo.

8. REFERENCIAS.

- Alexander S**, Waldenmaier C. Suppression of *Pratylenchus penetrans* populations in potato and tomato using African marigolds. *Journal of nematology*. **2002**; 34: 130-134.
- Blignaut M**, Ellis A, Le Roux J. Towards a transferable and cost-effective plant AFLP protocol. *Plos One*. **2013**; 8: 1-7.
- Bekele E**, Geleta M, Dagne K, Jones A, Barnes I, Bradman N, Thomas M. Molecular phylogeny of genus *Guizotia* (Asteraceae) using DNA sequences derived from ITS. *Genet Resour Crop Evol*. **2007**. 54:1419–1427
- Campos-Guillén J**, Martínez-Pastrana X, Bernal-Melo J, Cruz-Medina J, Serrato-Cruz M, Cruz-Hernández A. Análisis molecular del género *Tagetes spp*: análisis de materiales productores de aceite. *Red Tagetes SINAREFI*. **2012**.
- Caballero A**, Pereira M, Quesada H. Genomic distribution of AFLP markers relative to gene locations for different ealiukaryotic species. *BMC Genomics*. **2013**; 14: 1-11.
- Chan S**, Chevalier S, Aprikian A, Chen J. Simultaneous quantification of mitochondrial dna damage and copy number in circulating blood: a sensitive approach to systemic oxidative stress. *Biomed research international*. **2012**; 2013: 1-10.
- Cheun H**, Kim K, Yoon S, Lee W, Park W, Sim S, Yu J. *Cryptosporidium hominis* infection diagnosed by real-time PCR-RFLP. *Korean J Parasitol*. **2013**; 51: 353-355.
- Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. **CONABIO**. México: 2012.
- Doyle J**, Doyle J. A rapid total DNA preparation procedure for fresh plant tissue. *Focus*. **1990**; 12: 13-15.
- Figueras M**, Levican A, Collado L. Updated 16S rRNA-RFLP method for the identification of all currently characterized *Arcobacter spp*. *BMC Microbiology*. **2012**; 12: 1-7
- García M**, Matías J, Cavalcante J, Pires de Lima D, Da Silva R, Andreotti R. Chemical identification of *Tagetes minuta* Linnaeus (Asteraceae) essential oil and its acaricidal effect on ticks. *Rev Bras Parasitol*. **2012**; 21: 405-411.

- González A**, Aguirre X. Ecología molecular. México: SEMARNAT, 2007:567-571.
- Goulao L**, Cabrita L, Oliveira C, Leitao J. Comparing RAPD and AFLP analysis in discrimination and estimation of genetic similarities among apple (*Malus domestica* Borkh) cultivars. Euphytica. **2001**; 119: 259-270.
- Hall B**. Phylogenetic trees made easy, a how to manual. 2a edición. Sunderland: Sinauer Associates, 2004: 221.
- Ileri L**, Kongoro J, Ngure P, Mutai C, Langat B, Tonui W “*et al*”. The potential of the extracts of *Tagetes minuta* Linnaeus (Asteraceae), *Acalypha fruticosa* Forssk (Euphorbiaceae) and *Tarhonanthus camphoratus* L. (Compositae) against *Phlebotomus duboscqi* Neveu Lemaire (Diptera: Psychodidae), the vector for leishmania major yakimoff and schokhor. J Vector Borne. **2010**; 47: 168-174.
- Jacobs J**, Aroo R, De Koning E, Klunder A, Croes A, Wullems G. Isolation and characterization of mutants of thiophene synthesis in *Tagetes erecta*. Plant Physiol. **1995**; 107: 807-814.
- Kumar G**, Singh M, Prakash N, Bhardwaj D, Kumar S. In vitro propagation of spine gourd (*Momordica dioica* Roxb.) and assessment of genetic fidelity of micropropagated plants using RAPD analysis. Physiol Mol Biol Plants. **2012**; 18: 273-280.
- Limpscom D**. Basics of cladistics analysis [monografía en internet]. Washington, DC: Department of Biological Sciences, George Washington University, **1998** [consultado 2012 noviembre 8]: 1-75.
- Liu J**, Shi S, Chang E, Yang W, Jiang Z. Genetic diversity of the critically endangered *Thuja sutchuenensis* revealed by ISSR markers and the implications for conservation. Int. J. Mol. Sci. **2013**; 14: 14860-14871.
- Loockerman D**, Turner B, Jansen R. Phylogenetic relationships within the *Tageteae* (Asteraceae) based on nuclear ribosomal ITS and chloroplast *ndhF* gene sequences. Systematic Botany. **2003**; 28: 191-207.
- Mittermeier R**, Goettsch C. La importancia de la diversidad biológica de México, México ante los retos de la biodiversidad. México: CONABIO, **1992**: 14 pp.
- Mohamed M**, Harris P, Henderson J. An efficient *in vitro* regeneration protocol for *Tagetes minuta*. Plant cell, tissue and organ culture. **1999**; 55: 211-215.

Molfetti E, Torres S, Georges J, Plot V, Delcroix E, Scao R, Lavergne A, Barrioz S, Rodrigues dos Santos F, Thoisy B. Recent demographic history and present fine-scale structure in the northwest atlantic leatherback (*Dermochelys coriacea*) turtle population. Plos one. **2013**; 8: 1-11.

Novo M, Fernández R, Fernández D, Gutiérrez M, Cosín D. Compilation of morphological and molecular data, a necessity for taxonomy: The case of *Hormogaster abbatissae* sp. n. (Annelida, Clitellata, Hormogastridae). ZooKeys. **2012**; 242: 1-16.

Ornelas F, Sosa V, Solits D, Daza J, González C, Soltis P, Rodríguez C, Espinosa de los Monteros A, Castoe T, Bell C, Sanchez E. Comparative phylogeographic analyses illustrate the complex evolutionary history of threatened cloud forests of northern Mesoamerica. Plos One. **2013**; 8: 1-11.

Peña M, Cortés A, Avila E. Evaluación de tres niveles de pigmento de flor de cempasúchil (*Tagetes erecta*) sobre la pigmentación de la piel en pollos de engorda. Téc Pecu Mex. **2004**; 42: 105-111.

Pin Zhang, Li Zeng, Yan-Xue Su, Xiao-Wen Gong, Xiao-Sha Wang. Karyotype studies on *Tagetes erecta* L. and *Tagetes patula* L. African Journal of Biotechnology. **2011**; 10: 16138-16144.

Ploeg A, Maris P. Effect of temperature on suppression of *Meloidogyne incognita* by *Tagetes* cultivars. Supplement to the journal of nematology. **1999**; 31: 709-714.

Ploeg A. Greenhouse studies on the effect of marigolds (*Tagetes spp*) on four *Meloidogyne* species. Journal of nematology. **1999**; 31: 62-69.

Ristaino J, Madritch M, Trout C, Parra G. PCR amplification of ribosomal DNA for species identification in the plant pathogen genus *Phytophthora*. Applied and environmental microbiology. **1998**; 64: 948-954.

Ritter E, Gebhardt C, Salamini F. Estimation of recombination frequencies and construction of RFLP linkage maps in plants from crosses between heterozygous parents. Genetics. **1990**; 125: 645-654.

Roberts R, Urbatsch L. Molecular phylogeny of *Ericameria* (Asteraceae, Astereae) based on nuclear ribosomal 3'ETS and ITS sequence data. **2003**; 52:209-228.

Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación.

SAGARPA boletines. México: SIAP, **2012**.

Salinas N, Pacheco E. Pigmentos carotenoides identificados y purificados en aceite de palma. *Agronomía Trop.* **2003**; 53: 483-499.

Sambrook J, Fritsch E, Maniatis T. *Molecular Cloning. A laboratory manual.* 2a. edición. New York: Cold Spring Harbor Laboratory, **1989**: 545 pp.

Sanches F, Figueira G, Mendez A, Rodrigues B, Camargo M, Szabó M “*et al*”. Acaricidal activity of ethanolic extract from aerial parts of *Tagetes patula* L (Asteraceae) against larvae and engorged adult females of *Rhipicephalus sanguineus* (Latreille, 1806). *Parasites & Vectors.* **2012**; 5: [aprox. 11 pp].

Schliep K. Phangorn: phylogenetic analysis in R. *Bioinformatics.* **2011**; 27:592-593.

Schoch C, Seifert K, Huhndorf S, Robert V, Spouge J, Levesque C, Chen W. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *PNAS.* **2012**; 109: 6241-6246.

Serrato M. Información documental sobre el taxa *Tagetes* para dimensionar su centro de origen y diversidad genética en México. México: CONABIO. **2010**: 63 pp.

Serrato M, Barajas J. Poblaciones silvestres de *Tagetes filifolia* lag. En el centro-sur de México. *Revista fitotecnia mexicana.* **2006**; 2:7-12.

Sistema de Información de Biodiversidad. **SIB.** Argentina: **2013**.

Sistema Integrado de Información Taxonómica. **SIIT.** México: **2012**.

Stern R, Andersen R, Jameson I, Küpper F, Coffroth M, Vaultot D, Le Gall F, Véron B, Brand J, Skelton H, Kasai F, Lilly E, Keeling P. Evaluating the ribosomal internal transcribed spacer (ITS) as a candidate Dinoflagellate Barcode Marker. *PLOS One.* **2012**; 7: 1-12.

Soule, J. Systematics of *Tagetes* (Asteraceae-Tageteae). Doctoral Thesis. The University of Texas, Austin. USA. **1993**.

Sunnucks P. Efficient genetic markers for population biology. *Tree.* **2000**; 15: 199-203.

Susanna A, Garnatje T, García N. Molecular phylogeny of *Cheirolophus* (Asteraceae: *Cardueae-Centaureinae*) based on ITS sequences of nuclear ribosomal DNA. *Pl. Syst. Evol.* **1999** 214:147-160.

Swofford D, Olsen G. Phylogeny reconstruction. *Molecular Systematics*. **1990**: 411-501.

Tamura K, Peterson D, Peterson N, Stecher G, Nei M, Kumar S. Mega5: Molecular evolutionary genetics analysis using likelihood, distance and parsimony methods. *Molecular biology and evolution*. **2011**. 24:1596-1599.

Tilman D, Reich P, Knops J. Biodiversity and ecosystem stability in a decade-long grassland experiment. *Nature*. **2006**; 441: 629-632.

Tripathi N, Chouhan D, Saini N, Tiwari S. Assessment of genetic variations among highly endangered medicinal plant *Bacopa monnieri* (L.) from Central India using RAPD and ISSR analysis. *3 Biotech*. **2012**; 2: 327-336.

Turner B. *Strotheria* (compositae-tageteae) a new monotypic genus from north central Mexico. *Amer. J. Bot.* **1972**; 59:180-182.

Turner B. The Comps of Mexico-A systematic account of the family Asteraceae. *Phytologia Memoirs*. **1996**; 6:1-93.

Valadez E, Kahl G. Huellas de ADN en genomas de plantas. Texcoco: Mundi-prensa, **2000**: 39-86.

Vanegas P, Cruz A, Valverde M, Paredes O. Plant regeneration via organogénesis in marigold. *Plant cell, tissue and organ culture*. **2002**; 69: 279-283.

Villareal J. Flora del bajío y de regiones adyacentes. Coahuila: Departamento de Botánica, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, **2003**: 89 p.

Yingchun Q, Yaomei Y, Manzhu B. Establishment of plant regeneration system from anther culture of *Tagetes patula*. *African journal of biotechnology*. **2011**; 10 : 17332-17338.

Zahid M, Kumar A, Singh N. Plant regeneration in *Chlorophytum borivillianum* Sant. et Fernand. from embryogenic callus and cell suspension culture and assessment of genetic fidelity of plants derived through somatic embryogenesis. *Physiol Mol Biol Plants*. **2012**; 18: 253-263.

Ziarovska J, Razna K, Labajová M. Using of inter microsatellite polymorphism to evaluate gamma-irradiated *Amaranth* mutants. *Emir. J. Food Agric*. **2013**; 25: 673-681.

ANEXOS.

A continuación se muestran las secuencias obtenidas de los 35 individuos del género *Tagetes* analizados en este trabajo, así como su comparación en el programa BLAST con secuencias similares del género *Tagetes* reportadas previamente. *T. lunulata A*, TAG-00016 presenta una secuencia de 703 pares de bases y fue admitida en la base de datos de Genbank como *T. patula.*, clave de acceso: KC800432. En el programa BLAST, dio una similitud del 100% consigo misma, una similitud del 99% y 98% con la secuencia de *T. lunulata B*, TAG-00009 y *T. multiflora*, TAG-00018 respectivamente. Ambas secuencias son producto de este trabajo y también fueron admitidas en Genbank.

```
ACCAGTTGTCCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAGGTT
CTCCCCTCATGATTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAATCGTGCATCCATCTTTGAGA
GGACTCTATTTTTAGCCAACCACGCCCTATGGGACACAGGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCAAACA
GGGAGTCATGATGTGGGCAACCAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAAGGCTTCGGGGCGCAA
CTTGCGTTCAAAAACGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGA
TGCCTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCCGAAAC
GGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATATTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAACATA
ATGTCCATGAAGGCCTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAACA
ATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTCAAGTCATTCTGCTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAG
GTTACCTACGGAAACCTTGTACGATTTTTAACTTCCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. lunulata A*. TAG-00016.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1299	1299	95%	0.0	100%	KC800432.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1266	1266	95%	0.0	99%	KC800426.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and interr	1256	1256	95%	0.0	99%	KC800428.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S rit	1212	1212	95%	0.0	98%	KC800434.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1098	1098	95%	0.0	95%	KC800425.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1062	1062	96%	0.0	94%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1044	1044	95%	0.0	93%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	1035	1035	94%	0.0	93%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and int	955	955	87%	0.0	93%	AF413577.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1	1027	1027	94%	0.0	93%	KC800436.1

Comparación de la secuencia de *T. lunulata A*, TAG-00016 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800432.1 Length: 703 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 703 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1299 bits(703)	0.0	703/703(100%)	0/703(0%)	Plus/Minus	
Query	15	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG			74
Sbjct	703	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG			644
Query	75	GTTCTCCCCTCATGATTGAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			134
Sbjct	643	GTTCTCCCCTCATGATTGAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			584
Query	135	ATCGTGATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACACGCCCTATGGGACACA			194
Sbjct	583	ATCGTGATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACACGCCCTATGGGACACA			524
Query	195	GGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACC			254
Sbjct	523	GGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACC			464
Query	255	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTGCGT			314
Sbjct	463	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTGCGT			404
Query	315	TCAAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACG			374
Sbjct	403	TCAAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACG			344
Query	375	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			434
Sbjct	343	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			284
Query	435	AGCCACGTACAATAAGCACACCGCAAACGGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATA			494
Sbjct	283	AGCCACGTACAATAAGCACACCGCAAACGGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATA			224
Query	495	TTTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTATGTCAACATAATGTCCATGAAGGC			554
Sbjct	223	TTTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTATGTCAACATAATGTCCATGAAGGC			164
Query	555	CTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAA			614
Sbjct	163	CTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAA			104
Query	615	CAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT			674
Sbjct	103	CAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT			44
Query	675	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	717		
Sbjct	43	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	1		

Alineamiento de la secuencia de *T. lunulata* A con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. lunulata B*, TAG-00009 nos dio una secuencia de 703 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank como *T. patula.*, clave de acceso: KC800426. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 99% y 98% con la secuencia de *T. lunulata B*, TAG-00009 y *T. multiflora*, TAG-00018 respectivamente. Ambas secuencias son producto de este trabajo y también fueron admitidas en Genbank.

```
TAATGCATTTATCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAG
GTTCTCCCCTCATGATTCAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAATCGTGATCCATCTTTG
AGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCACGCCCTATGGGACACAGGAGGCCACTTTCCGCCAAACAACAAAACCCAA
ACAGGGAGTCTTGATGTGGGCAACCAATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAAGGCTTCGGGCG
CAACTTGC GTTCAAAAAC TCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTCTACGTTCTTCAT
CGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCGCA
AACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATATTTTTGCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCAAC
ATAATGTCCATGAAGGCCATAAAGGCAACCATGAACACACATCGACAAGGGGCCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAA
CAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTCCGC
AGGTTCACTACGAAACCTTGTTACGATTTTTTACTTTCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. lunulata B*. TAG-00009.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1299	1299	94%	0.0	100%	KC800426.1
Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1266	1266	94%	0.0	99%	KC800432.1
Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1229	1229	95%	0.0	98%	KC800428.1
Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1212	1212	95%	0.0	98%	KC800434.1
Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1075	1075	95%	0.0	94%	KC800425.1
Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1050	1050	96%	0.0	93%	KC800422.1
Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1038	1038	96%	0.0	93%	KC800439.1
Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1035	1035	95%	0.0	93%	KC800438.1
Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1033	1033	94%	0.0	93%	KC800427.1
Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1029	1029	95%	0.0	93%	DQ862121.1
Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1024	1024	94%	0.0	93%	KC800433.1
Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1022	1022	94%	0.0	93%	KC800436.1

Comparación de la secuencia de *T. lunulata B*, TAG-00009 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800426.1](#) Length: 703 Number of Matches: 1

[Related Information](#)

Range 1: 1 to 703 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1299 bits(703)	0.0	703/703(100%)	0/703(0%)	Plus/Minus
Query 18	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG			77
Sbjct 703	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG			644
Query 78	GTTCTCCCCTCATGATTCAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			137
Sbjct 643	GTTCTCCCCTCATGATTCAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			584
Query 138	ATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCACGCCCTATGGGACACA			197
Sbjct 583	ATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCACGCCCTATGGGACACA			524
Query 198	GGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAAACAAACCCAAACAGGGAGTCTTGATGTGGGCAACC			257
Sbjct 523	GGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAAACAAACCCAAACAGGGAGTCTTGATGTGGGCAACC			464
Query 258	AAATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			317
Sbjct 463	AAATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			404
Query 318	TCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTITGCTACG			377
Sbjct 403	TCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTITGCTACG			344
Query 378	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			437
Sbjct 343	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			284
Query 438	AGCCACGTACAATAAGCACACCCGCAAACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATA			497
Sbjct 283	AGCCACGTACAATAAGCACACCCGCAAACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATA			224
Query 498	TTTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGAAGGC			557
Sbjct 223	TTTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGAAGGC			164
Query 558	CTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAAGGGCCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAA			617
Sbjct 163	CTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAAGGGCCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAA			104
Query 618	CAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT			677
Sbjct 103	CAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT			44
Query 678	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 720			
Sbjct 43	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 1			

Alineamiento de la secuencia de *T. lunulata* B con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. lunulata C*, TAG-00008 nos dio una secuencia de 710 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank como *T. patula.*, clave de acceso: KC800425. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 95% y 94% con la secuencia de *T. lunulata A*, TAG-00016 y *T. lunulata B*, TAG-00009, respectivamente. Ambas secuencias son producto de este trabajo y también fueron admitidas en Genbank.

```
TGACGCGGGTGTCCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGA
GGTTCTCCCCTCATGATTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAATCGTGCATCCATCTTT
GAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCACGCCCTATGGGACACAGGAGGCCACTTCCGCCCAAACAACGAAACCCA
AACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACCAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAAGGCTTCGGGC
GCAACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA
TCGATGCGTGAGCCGAGATqATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCCG
AAAAAGGACCACCATTCACGAGCCCTTCTGGTATATTTGGCCCTGGGCCCGGGTGGGGCCGGGGTGGTTGT
GTCAACAAAAGGTCCTTGAAGGCCAATAAGGCAAACATGAACACCCTTCAACGGGGGGCCTAAAAGGATCGCAGCA
GGACCAACAATCCTGGCGAAGGCTTGTGTTGTTACAGGTTCACAATTCATTCCGGCTTGGCAGGGTTCAACAATGAT
CCTCCCGCAGGTTACCTACGAAACTTTGTTACAACCTTTAACCTTCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. lunulata C*. TAG-00008.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1312	1312	95%	0.0	100%	KC800425.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1094	1094	95%	0.0	95%	KC800432.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1072	1072	95%	0.0	94%	KC800426.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and interr	1064	1064	95%	0.0	94%	KC800428.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S rit	1037	1037	95%	0.0	93%	KC800434.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	885	885	95%	0.0	89%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	904	904	97%	0.0	89%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	870	870	94%	0.0	89%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int	797	797	87%	0.0	89%	AF413577.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1	852	852	94%	0.0	89%	KC800436.1

Comparación de la secuencia de *T. lunulata C*, TAG-00008 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800425.1 Length: 710 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 710 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1312 bits(710)	0.0	710/710(100%)	0/710(0%)	Plus/Minus	
Query 17		CCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGA			76
Sbjct 710		CCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGA			651
Query 77		GGTTCTCCCTCATGATTGAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACT			136
Sbjct 650		GGTTCTCCCTCATGATTGAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACT			591
Query 137		AATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTAGGCCAACACGCCCTATGGGACAC			196
Sbjct 590		AATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTAGGCCAACACGCCCTATGGGACAC			531
Query 197		AGGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAAC			256
Sbjct 530		AGGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAAC			471
Query 257		CAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCG			316
Sbjct 470		CAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCG			411
Query 317		TTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTAC			376
Sbjct 410		TTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTAC			351
Query 377		GTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAG			436
Sbjct 350		GTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAG			291
Query 437		AAGCCACGTACAATAAGCACACCGCAAACGGACCACCATTGCACGAGCCCTTCTTGGA			496
Sbjct 290		AAGCCACGTACAATAAGCACACCGCAAACGGACCACCATTGCACGAGCCCTTCTTGGA			231
Query 497		TATTTGGCCCTGGGCCCGGGTGGGGCCGGGGTGGTTGTGTCAACAAAAGTCTTGAAG			556
Sbjct 230		TATTTGGCCCTGGGCCCGGGTGGGGCCGGGGTGGTTGTGTCAACAAAAGTCTTGAAG			171
Query 557		GCCAATAAGGCAAACATGAACACCCTTCAACGGGGGGCCTAAAAGGATCGCAGCAGGACC			616
Sbjct 170		GCCAATAAGGCAAACATGAACACCCTTCAACGGGGGGCCTAAAAGGATCGCAGCAGGACC			111
Query 617		AACAATCCTGGCGAAGGCTTGTGTTGTTACAGGTTACAATTCATTGGCTTGGCAGGG			676
Sbjct 110		AACAATCCTGGCGAAGGCTTGTGTTGTTACAGGTTACAATTCATTGGCTTGGCAGGG			51
Query 677		TTCAACAATGATCCTCCCGCAGGTTACCTACGGAACTTTGTTACAAC		726	
Sbjct 50		TTCAACAATGATCCTCCCGCAGGTTACCTACGGAACTTTGTTACAAC		1	

Alineamiento de la secuencia de *T. lunulata* C con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. foetidissima*, TAG-00023 nos dio una secuencia de 739 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 99% con las secuencias de *T. lunulata A*, TAG-00016 y *T. lunulata B*, TAG-00009 (admitidas en Genbank como *T. patula*) con clave de acceso: KC800432 y KC800426 respectivamente. Ambas secuencias son producto de este trabajo y también fueron admitidas en Genbank.

```
TTGGGGGTGTCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAGG
TTCTCCCCTCATGATTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAATCGTGCATCCATCTTTGA
GAGGACTCTATTTTTAGGCCAACACGCCCTATGGGACACAGGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAAACGAAACCCAAA
CAGGGAGTCATGATGTGGGCAACCAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAAGGCTTCGGGGCGC
AACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATC
GATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCCGCAA
AACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATATTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTGTGTCAA
CATAATGTCCATGAAGGCCTATAAGGCAACATGAACACACATCGACAGGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGC
AACAAATCCTTGCGTAGGCTTGTGTTGTTACATGTTCAACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCC
GCAGTTACCTACGGAACCTTGTTACGACTTTTTACTTCCAGAAT
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. foetidissima*, TAG-00023.

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and i	1266	1266	95%	0.0	99%	KC800432.1
Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and i	1243	1243	95%	0.0	99%	KC800426.1
Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer	1236	1236	95%	0.0	98%	KC800428.1
Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, ar	1208	1208	95%	0.0	97%	KC800434.1
Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and i	1123	1123	96%	0.0	95%	KC800425.1
Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and ir	1048	1048	97%	0.0	93%	KC800422.1
Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and ir	1024	1024	95%	0.0	93%	KC800427.1
Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1020	1020	94%	0.0	93%	KC800433.1
Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal t	1016	1016	97%	0.0	92%	KC800439.1
Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal t	1009	1009	96%	0.0	92%	KC800438.1
Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed	1007	1007	96%	0.0	92%	DQ862121.1

Comparación de la secuencia de *T. foetidissima*, TAG-00023 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800432.1 Length: 703 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 703 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1266 bits(685)	0.0	698/704(99%)	1/704(0%)	Plus/Minus	
Query	16	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCCAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG			75
Sbjct	703	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCCAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG			644
Query	76	GTTCTCCCCTCATGATTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			135
Sbjct	643	GTTCTCCCCTCATGATTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			584
Query	136	ATCGTGCCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCCAGCCCTATGGGACACA			195
Sbjct	583	ATCGTGCCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCCAGCCCTATGGGACACA			524
Query	196	GGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACC			255
Sbjct	523	GGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACC			464
Query	256	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			315
Sbjct	463	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			404
Query	316	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACG			375
Sbjct	403	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACG			344
Query	376	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			435
Sbjct	343	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			284
Query	436	AGCCACGTACAATAAGCACACCCGCAAAACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTAT			495
Sbjct	283	AGCCACGTACAATAAGCACACCCGCAAA-CCGGGATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTAT			225
Query	496	ATTTTGTCCCTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTGTCAACATAATGTCCATGAAGG			555
Sbjct	224	ATTTTGTCCCTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTGTCAACATAATGTCCATGAAGG			165
Query	556	CCTATAAGGCAAACATGAACACACATCGACAGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCA			615
Sbjct	164	CCTATAAGGCAAACATGAACACACATCGACAGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCA			105
Query	616	ACAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGT			675
Sbjct	104	ACAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGT			45
Query	676	TCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA		719	
Sbjct	44	TCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA		1	

Alineamiento de la secuencia de *T. foetidissima* con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. multiflora*, TAG-00018 nos dio una secuencia de 707 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank, clave de acceso: KC800434. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 98% con la secuencia de *T. lunulata A* TAG-00016, *T. lunulata B* TAG-00009 y *Tagetes sp*, esta última con clave de acceso: KC800428.

```
CAAGGACAATGTACTCCGCCTGAACTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAG
AGGTTCTACCCTCATGAGTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTT
TGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGACACAGGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCC
AAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACCAAATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGC
GCAACTTGCGTTCAAAAACACTCAATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCAT
CGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCGAAAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCGCA
AACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATAATTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTGTGTCAA
CATAATGTCCATGAAGGCCATAAAGGCAACCATGAACACACATCGACAAGGGGCCATAAAGGATAGCAGCATGAGCA
ACAATCCTTGATAGGCTTGTGTTTACATGTTCAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGC
AGTTTCACCTACGGAAACCTTGTACGACTTTTACTCCAGA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. multiflora*. TAG-00018.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1306	1306	95%	0.0	100%	KC800434.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1212	1212	95%	0.0	98%	KC800428.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1210	1210	95%	0.0	98%	KC800432.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1210	1210	95%	0.0	98%	KC800426.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1044	1044	97%	0.0	93%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1038	1038	95%	0.0	93%	KC800425.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1027	1027	95%	0.0	93%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1013	1013	94%	0.0	93%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1007	1007	96%	0.0	92%	KC800439.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2	1003	1003	95%	0.0	92%	DQ862121.1

Comparación de la secuencia de *T. multiflora*, TAG-00018 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800434.1 Length: 707 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 707 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1306 bits(707)	0.0	707/707(100%)	0/707(0%)	Plus/Minus	
Query 27	GGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAGGTTCTAC				86
Sbjct 707	GGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAGGTTCTAC				648
Query 87	CCTCATGAGTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCCTAGTCGTGC				146
Sbjct 647	CCTCATGAGTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCCTAGTCGTGC				588
Query 147	ATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGACACAGGAGGCC				206
Sbjct 587	ATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGACACAGGAGGCC				528
Query 207	ACTTTCCGCCCAAACAAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACCAAATGCG				266
Sbjct 527	ACTTTCCGCCCAAACAAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCATGATGTGGGCAACCAAATGCG				468
Query 267	TGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAAA				326
Sbjct 467	TGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAAA				408
Query 327	CTCAATGGTTCACGGGATTCTGCAATTACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA				386
Sbjct 407	CTCAATGGTTCACGGGATTCTGCAATTACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA				348
Query 387	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTGAAAGAAGCCACG				446
Sbjct 347	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTGAAAGAAGCCACG				288
Query 447	TACAATAAGCACACCCGCAAACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATAATTTGTC				506
Sbjct 287	TACAATAAGCACACCCGCAAACGGAGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATAATTTGTC				228
Query 507	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTGTCAACATAATGTCCATGAAGGCCTATAAG				566
Sbjct 227	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTGTCAACATAATGTCCATGAAGGCCTATAAG				168
Query 567	GCAACCATGAACACACATCGACAAGGGCCCTACAAGGATAGCAGCATGAGCAACAATCCT				626
Sbjct 167	GCAACCATGAACACACATCGACAAGGGCCCTACAAGGATAGCAGCATGAGCAACAATCCT				108
Query 627	TGTATAGGCTTGTGTTTTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTTCGACAA				686
Sbjct 107	TGTATAGGCTTGTGTTTTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTTCGACAA				48
Query 687	GATCCTCCGCAGGTTACCTACGAAACCTTGTACGACTTTTACT			733	
Sbjct 47	GATCCTCCGCAGGTTACCTACGAAACCTTGTACGACTTTTACT			1	

Alineación de la secuencia de *T. multiflora*, TAG-00018 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

Para el individuo *T. coronopifolia*, TAG-00003 nos dio una secuencia de 731 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 99% con las secuencias de *T. lunulata A*, TAG-00016 y *Tagetes sp*, esta última con clave de acceso: KC800428. Con *T. lunulata B*, TAG-00009, presento una similitud del 98%.

```
GGTAGTCGCGCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAGTTCTC
CCCTCATGAGTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAATCGTGCATCCATCTTTGAGAGG
ACTCTATTTTTAGGCCAACAAATGCCCTATGGGACACAGGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAACGAAACCCAAACAGG
GAGTCGTGATGTGGGCAACCAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAAAGGCTTCGGGCGCAACT
TGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATG
CGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCCGAAACGG
GGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATAATTTGCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTGTCAACATAAT
GTCCATGAAGGCCTCTAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAACAAT
CCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAAATGATCCTTCCGCAGGT
TCACCTACGGAAACCTTGTTACGCTTTTTTAACCTTCAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. coronopifolia*. TAG-00003.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1295	1295	96%	0.0	99%	KC800428.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1260	1260	96%	0.0	99%	KC800432.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1232	1232	96%	0.0	98%	KC800426.1
<input type="checkbox"/> Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1216	1216	96%	0.0	98%	KC800434.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1070	1070	96%	0.0	94%	KC800425.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1062	1062	97%	0.0	93%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1044	1044	96%	0.0	93%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1033	1033	97%	0.0	93%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1029	1029	97%	0.0	93%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1024	1024	97%	0.0	93%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	1024	1024	95%	0.0	93%	KC800433.1

Comparación de la secuencia de *T. coronopifolia*. TAG-00003 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800432.1 Length: 703 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 703 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1260 bits(682)	0.0	696/703(99%)	0/703(0%)	Plus/Minus	
Query	11	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAG			70
Sbjct	703	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAG			644
Query	71	GTTCTCCCCTCATGAGTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			130
Sbjct	643	GTTCTCCCCTCATGATTGAGTCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			584
Query	131	ATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCAATGCCCTATGGGACACA			190
Sbjct	583	ATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCAATGCCCTATGGGACACA			524
Query	191	GGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCGTGATGTGGGCAACC			250
Sbjct	523	GGAGGCCACTTTCCGCCCAAACAAACGAAACCCAAACAGGGAGTCGTGATGTGGGCAACC			464
Query	251	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			310
Sbjct	463	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			404
Query	311	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTITGCTACG			370
Sbjct	403	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTITGCTACG			344
Query	371	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			430
Sbjct	343	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGA			284
Query	431	AGCCACGTACAATAAGCACACCCGAAACGGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATA			490
Sbjct	283	AGCCACGTACAATAAGCACACCCGAAACGGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATGTATA			224
Query	491	ATTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAGGC			550
Sbjct	223	TTTTGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGAAGGC			164
Query	551	CTCTAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAA			610
Sbjct	163	CTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGAGCAA			104
Query	611	CAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT			670
Sbjct	103	CAATCCTTGCATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT			44
Query	671	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	713		
Sbjct	43	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	1		

Alineamiento de la secuencia de *T. coronopifolia* con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. linifolia*, TAG-00031 nos dio una secuencia de 741 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 89% con las secuencias de *T. lunulata* A, TAG-00016 y *Tagetes* sp, esta última con clave de acceso: KC800428.

```
GATGTGGAGGGACTCCGCTGACCTGGGGTCCGGATCGAAACATCATCAAAAGACAATGCACCGGGGATAAATTA
GAGGTTCTCCCCTCATGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAATCGTGCATCCATC
TTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGACACAAGAAGGCCCTTTCCCCCAACCAACCAAAC
CCAAAAGAGGGAGTCTGATGGGGGGCACCAAGATGCGTGACGCCAGGCGAACGTGCCCTCAACCGAAGGGTTCC
GGGGCCACTTGGCTTCCAAAATCCATGGGTTACGGGAATCTGCAATTTCCACCCAGTATCGCATTTTGCTACCTTCT
TCCTCGATGCCTGAACCGAAATATCCCTTGCCCAAAATCCTTTATGAATCCCAAGAAGCCCCGTACAAAAACACACC
CCAAACGGGGCATCCTTGCACGAGGCCCTTTTATGTATAATTTGGCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGGTTTGG
CCACATAATGTCCATGAAAGCCCAAAGGGGAACCATGAACACACATCGACAAGGGGCCACAAGGATCGAAGCATG
ACCAACAATCCTTGCATAGGCCTGGTGTGTACATGTTACAGGCATTCTGCTTTTGCAGGGGTTGCACAATGATCC
TTCCCGCAGGGTCACCACCGAAACCTTGGTACGACTTTTACTTCCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. linifolia*, TAG-00031.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	865	865	95%	0.0	89%	KC800428.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	846	846	94%	0.0	89%	KC800432.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	843	843	95%	0.0	88%	KC800434.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	841	841	94%	0.0	88%	KC800426.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	782	782	96%	0.0	87%	KC800439.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	780	780	92%	0.0	87%	GU818722.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	778	778	95%	0.0	87%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	776	776	95%	0.0	87%	KC800438.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	773	773	96%	0.0	86%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	771	771	94%	0.0	87%	KC800436.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	758	758	94%	0.0	86%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	752	752	95%	0.0	86%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 1	737	737	94%	0.0	86%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence, 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and internal transcribed spacer 1	699	699	87%	0.0	86%	AF413575.1

Comparación de la secuencia de *T. linifolia*, TAG-00031 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800432.1 Length: 703 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 4 to 703 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
846 bits(458)	0.0	626/707(89%)	12/707(1%)	Plus/Minus	
Query	19	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACCGGGGATAAATTAAGA			78
Sbjct	703	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGG-ATAAATTAAGA			645
Query	79	GGTTCTCCCTCATGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACT			138
Sbjct	644	GGTTCTCCCTCATGATTGAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACT			585
Query	139	AATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGACAC			198
Sbjct	584	AATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCACGCCCTATGGGACAC			525
Query	199	AAGAAGGCC-CTTTcccccccAACCAACCAACCCAAAAGAGGGAGTC-TGATGGGGGGC			256
Sbjct	524	A-GGAGGCCACTTTCGCCCCAACCAACGAAACCCAAA-CAGGGAGTCATGAT-GTGGGC			468
Query	257	ACCAAGATGCGTGACGCCAGGCGAACGTCGCCCTCAACC-GAAGGGTCCGGGGCCACTT			315
Sbjct	467	AACCAGATGCGTGACGCCAGGCGAGCGTCGCCCTCAACCAAAAGGCTTCGGGGCCAACTT			408
Query	316	GGCTTCCAAAACCTCCATGGGTTACGGGAATCTGCAATTTCCACCCAGTATCGCATTTTGC			375
Sbjct	407	GCGTTCAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGC			348
Query	376	TACCTTCTTCCTCGATGCCTGAACCGAAATATCCCTTGCCCAAATCCTTTATGAATCCC			435
Sbjct	347	TACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCA			288
Query	436	AAGAAGCCCCGTACAAAAACACACCCCAAACGGGGCATCCTTGCACGAGGCCTTTTATG			495
Sbjct	287	AAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCCGAAACGGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATG			228
Query	496	TATAATTTGGCCTTGGCAGGTGTTGTGCCGGGGGTTGGTTTGGCCACATAATGTCCATGA			555
Sbjct	227	TATATTTTGTCTTGGCAGGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGA			168
Query	556	AAGCCCAAAGGGGAACCATGAACACACATCGACAAGGGGCCTACAAGGATCGAAGCATGA			615
Sbjct	167	AGGCCTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGA			108
Query	616	CCAACAATCCTTGCATAGGCCTGGTGTGTTACATGTTTACAGG-CATTCTGCTTTTGA			674
Sbjct	107	GCAACAATCCTTGCATAGGCCTGGTGTGTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTT-GCA			49
Query	675	GGGTTTCGACAATGATCCTTCCCGCAGGGTCACC-ACCGAAACCTTG			720
Sbjct	48	-GGGTTTCGACAATGATCCTTCC-GCAGGTTACCTACGGAAACCTTG			4

Alineamiento de la secuencia de *T. linifolia*, TAG-00031 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. sp-jalisco*, TAG-00022 nos dio una secuencia de 738 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 78% con las secuencias de *Tagetes sp*, con clave de acceso: KC800438, y con *T. moorei*, TAG-00017. Está última secuencia también es producto de está trabajo, y fue admitida en el Genbank con la clave de acceso: KC800433.

```
TGATGAGGTCTTCGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAGCATCGTCATAAGACAATGCACCCGGGTTAATTTTGAGGTT
CTCCCCACAAGATTAAGACACACCACAAGACAACAGTATTTAAAAACCCCAATACTCGTGCCCCCTCAATAGGA
CTCCTCTTTTTTTCAGCTACACCTGCCCTACGGGGCACAGGAGGCCACTTCCGCCCAACACATAACAACCCAATAT
GGTGGTCAGGTGTGGGCAACATGAATGCTTGACCCCAAGGCAAACCTTGCCCTCACCCGGATGGCTCCGGGGCCCAAC
TTGCTTCCAAAACCCCAAGGGTCCACGGAATTCGGCATTCCACCAATAATCCAATTTTGCTACTTCCTTCACCAAT
CCTGGACCCAAAATATCCTTTGCCAAAATTCCTTTGAGAATTCAAAAAGCCCCCTTACAATAACCCCCCCCAACGG
GGAACCAGACCAAAGGCCCTTTAGGTATATTTGCCCTTGGCAGTGTTGCCCGGGGTTTGTATTTCCACATATT
ATTCCCGAAAGCCATAATGCAACCATGAACAAACATCGATGAGGACCTACTAGGATGAAAACATACACAAACTCACC
TTGCGAAAACCTGTTGTTGTACATGTTCTCAAATCTTTCTGCTTTCAGGGGACTACAATGATCCTTCCCAGGTTCT
CCTCCAGAAACCTTGTTACAACATTTTACTTTCAAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. sp-jalisco*. TAG-00022.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosc	436	436	94%	1e-118	78%	KC800433.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	429	429	95%	2e-116	78%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	425	425	95%	2e-115	78%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	424	424	95%	8e-115	78%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,	418	418	94%	4e-113	78%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, ai	414	414	92%	5e-112	78%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 3 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	348	348	94%	5e-92	76%	KC800430.1
<input type="checkbox"/> Helianthus pauciflorus subsp. subrhomboideus isolate 18-1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosom	128	128	52%	7e-26	73%	JX121535.1

Comparación de la secuencia de *T. sp-jalisco*, TAG-00022 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800433.1](#) Length: 699 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 699 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
436 bits(236)	1e-118	557/711(78%)	26/711(3%)	Plus/Minus	
Query	21	CTGGGGTCGCGATCGA-GCATCGTCATAAGACAATGCACCCGGGTT-AATTTTGAGGTTT			78
Sbjct	699	CTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCGTAAGACAATGCACC-GGGTTAAATTAAGAGGTTT			641
Query	79	TCCCCACAAGATTAAGACACAC--CACAGACAACAGTATTTTAAAAACCCCAATACT			136
Sbjct	640	TCCCCTCAAGATTAAGACACACAACACGAGACGAC--TATGTTACAAACCACCCTAGT			583
Query	137	CGTGCCCCCTCAATAGGACTCCTCtttttttCAGCTACACC-TG-CCCTACGGGGCACA			194
Sbjct	582	CGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCA-ACCATGCCCTATGAGGCACA			524
Query	195	GGAGGCCACTTTCCGCCCAACACATAACAACCAA-TATGGTGGTCA-GGTGTGGGCAAC			252
Sbjct	523	GGAGGCCACTTTCCGCCCAACACGCAAAACCCAAATA-GGGAGTCATGGTGTGGGCGAC			465
Query	253	ATGAATGCTTGACCCCAAGGCAAACCTGCCCCTCACCCGGATGGCTCCGGGCCCAACTTGC			312
Sbjct	464	AAGA-TGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGC			406
Query	313	TTCCAAAACCCCAAGGGTCCACGGAATTCGGCATTTCACCAATAATCCAATTTTGCTA			372
Sbjct	405	GTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTA			346
Query	373	CTTCCTTCACCAATCCTGGACCCAAAATATCCTTTGCCAAAATTC-TTTGAGAATCCAA			431
Sbjct	345	CGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAA			286
Query	432	AAAGCCCCCTTACAATAAcccccccccAAACGGGGAACCAGACCAAAGGCCCTTTAGGT			491
Sbjct	285	GAAG-CCACGTACAATGAGCACACCACGCAACGGGGCATCATGGCACAGCCCTTCTATGT			227
Query	492	ATATTTTGCCCTTGGCACGTGTTGCCCGGGGTTTGTATTTCCACATATTAT-TCG-CG			549
Sbjct	226	ATAGTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACATA--ATGTCCATG			169
Query	550	AAAGCCATAATGCAACCATGAACAAACATCGATGAGGACCTACTAGGATGAAAACATA-			608
Sbjct	168	AAAGCACATAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAA			109
Query	609	-CACAACTCACCTTGCGAAAACC-TGTTGTTGTTACATGTTCTCAAATCTTTCTGCTTT			666
Sbjct	108	GCAAAAAATC-C-TTGC-AAAGCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTT			52
Query	667	GCAGGGGACTACAATGATCCTTCCCCAGGTTCTCCTCCAGAAACCTTGTTA	717		
Sbjct	51	GCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGACAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	1		

Alineamiento de la secuencia de *T. sp-jalisco*. TAG-00022 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

Para el individuo *T. lemmonii*, TAG-00002 se obtuvo una secuencia de 739 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 97% con las secuencias de *T. parryi* A, TAG-00004 y *T. parryi* B, TAG-00010, ambas secuencias son producto de este trabajo y también fueron admitidas en Genbank, con clave de acceso KC800422 y KC800427.

```
GCATCGTGACTTGCCCGGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATTAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGT
TCCCCCCTCAAGAATAAGGACACACAACACAAGACGACTATGTTACAAAACCACACTAGTCGTGCATCCATCTTTAA
GAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAA
TAGGGAGTAATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGGCGC
AACTTGCGTTCAAAAACACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATC
GATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGACTCCAAAGAAGCCACATAACAATGAGCACACCGCAA
ACGGGGCATCATGGCACGGGCCCTTCTATGTATAGTTTGCCTTGGCACGTGTGTGCCGGGGGTTGTTGTGTCAT
ATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATAGAAGCATAAGCAAA
CAATCCTTGCAAAGCCATGTTGTTGTACATGTTCAACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTCCGC
AGGTTACCTACGGAAACCTTGTTACGTTTTTTACTTTCCAGAG
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. lemmonii*. TAG-00002.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1173	1173	95%	0.0	97%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1170	1170	94%	0.0	97%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosc	1142	1142	94%	0.0	96%	KC800433.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene	1127	1127	95%	0.0	96%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1112	1112	95%	0.0	95%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1,	1112	1112	94%	0.0	95%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1110	1110	95%	0.0	95%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1110	1110	95%	0.0	95%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence, and inte	1094	1094	87%	0.0	97%	AF413577.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, ai	1079	1079	92%	0.0	95%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	1046	1046	94%	0.0	94%	KC800432.1

Comparación de la secuencia de *T. lemmonii*, TAG-00002 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800422.1 Length: 727 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 4 to 707 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1173 bits(635)	0.0	682/705(97%)	2/705(0%)	Plus/Minus
Query 18	GACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATTAAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGT	77		
Sbjct 707	GACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGT	648		
Query 78	TcccccccTCAAGAATAAGGACACACAACACAGAGACTATGTTACAAACCACCCTAG	137		
Sbjct 647	TC-TCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGAGACTATGTTACAAACCACCCTAG	589		
Query 138	TCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCC-TATGGGGCACA	196		
Sbjct 588	TCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCAG	529		
Query 197	GGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGGAGTAATGGTGTGGGCAACA	256		
Sbjct 528	GGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACA	469		
Query 257	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGT	316		
Sbjct 468	AGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGT	409		
Query 317	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACG	376		
Sbjct 408	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACG	349		
Query 377	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGACTCCAAAGA	436		
Sbjct 348	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAGA	289		
Query 437	AGCCACATACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCACGGGCCCTTCTATGTATA	496		
Sbjct 288	AGCCACGTACAGTGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCACGGGCCCTTCTATGTATA	229		
Query 497	GTTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTGTGTCAATATAATGTCCATGAAAGC	556		
Sbjct 228	GTTTTTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAAGC	169		
Query 557	CCATAGGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATAGAAGCATAAGCAAA	616		
Sbjct 168	ACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGCAAA	109		
Query 617	CAATCCTTGCAAAGCCATGTTGTTGTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT	676		
Sbjct 108	CAATCCTTGCAAAGCCGTTGTTGTTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTT	49		
Query 677	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTAGC	721		
Sbjct 48	CGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTAGC	4		

Alineamiento de la secuencia de *T. lemmonii*, TAG-00002 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. stenophylla*, TAG-00024 nos dio una secuencia de 737 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 94% con las siguientes secuencias: *T. foetidissima*, con clave de acceso DQ862119, *Tagetes sp* con clave de acceso KC800439 y *A. persicifolius*, TAG-00028 con clave de acceso KC800436. Está última secuencia es producto de este trabajo.

```
GAAACATAACACCGCTCTCCCTGGGGTCGCGATCGAAACATCAAAAAGACAATGCGCCGGGTTAAATTAAGAGG
TTCTCCAGACAAGAATAAAGACACACAACATGAGACGAGAATGTTACAAACCACCACTAGCCGTGCATCCATCTTTTG
GAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGCACAGGAGGCCACTTTCGGCCCCAACACACAAAACCCAAA
GAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCAGGGCGC
AATTGCGTTCAAAAACACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATC
GATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGCCACATACAATGAGCACACCCGAA
ACAGGGCATCATAGCACATGACCTTTATGTATAGTTTGCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTATGTCGACAT
AATATTCATGAAAGCCCATAGAGCAACCATGAACAAACATCGACAGGGACCTACAAGGATCGAAGCATAAGCAAACA
AACCTTAAAAGCCCTGTTGTTGTTACATGTTACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAAATGATCCTCCGCGAG
GTTACCTACGGAAACCTTGTTACGACTTTTTACTTCCGGAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. stenophylla*. TAG-00024.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments							
Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S	1061	1061	94%	0.0	94%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer	1055	1055	95%	0.0	94%	KC800439.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal	1055	1055	94%	0.0	94%	KC800436.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed s	1051	1051	95%	0.0	94%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer	1050	1050	94%	0.0	94%	KC800438.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	1050	1050	94%	0.0	94%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed s	1042	1042	94%	0.0	94%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed	1029	1029	94%	0.0	93%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S rit	1011	1011	91%	0.0	93%	GU818722.1

Comparación de la secuencia de *T. stenophylla*, TAG-00024 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|DQ862119.1 Length: 740 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 2 to 703 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1061 bits(574)	0.0	660/702(94%)	3/702(0%)	Plus/Minus	
Query	21	CCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCGCCGGTTAAATTAAGAGGTT			80
Sbjct	703	CCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAACGCACCGGGTAAATTAAGAGGTT			644
Query	81	TCCAGACAAGAATAAAGACACACAACATGAGACGAGAATGTTACAAACCACCTAGCCG			140
Sbjct	643	TCCACTCAAGAATATAGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCG			584
Query	141	TGCATCCATCTTTTGGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGG-CACAGGA			199
Sbjct	583	TGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACGGGA			524
Query	200	GGCCACTTTCGCCCCAACACACAAACCCCAAAGAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGA			259
Sbjct	523	GGCCACTTTCGCCCCAACACACAAACCCGAAAAGGGAGTCATGTTGTGGGCAACAAGA			464
Query	260	TGCGTGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCAGGCGCAACTTGC GTTCA			319
Sbjct	463	TGCGTGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTTGC GTTCA			404
Query	320	AAAACGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTT			379
Sbjct	403	AAAACGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTT			344
Query	380	TTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGC			439
Sbjct	343	TTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGC			284
Query	440	CACATACAATGAGCACACCCGAAACAGGGCATCATAGCACATGACCTT-TATGTATAGTT			498
Sbjct	283	CACGTACAATGTGCACACCACAAACGGGGCATCATGGCACGGGCCCTTCTATGTATAGTT			224
Query	499	TGTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCGACATAATATTCATGAAAGCCCA			558
Sbjct	223	TATCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGAAAGCCCA			164
Query	559	TA-GAGCAACCATGAACAAACATCGACAGGGACCTACAAGGATCGAAGCATAAGCAAACA			617
Sbjct	163	TTTGGGCAACCATGAACAAACATCGACAGGGCCCTACAAGGATCGAAGCATAAGCAAACA			104
Query	618	AACCTTGAAGCCCTGTTGTTGTTACATGTTCAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCCG			677
Sbjct	103	ATCCTTGAAGCCCTGTTGTTGTTACGTGTTCAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCCG			44
Query	678	ACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC		719	
Sbjct	43	ACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC		2	

Alineamiento de la secuencia de *T. stenophylla*, TAG-00024 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. patula* A, TAG-00029 nos dio una secuencia de 739 pares de bases. Esta secuencia fue introducida en el programa BLAST y mostró una similitud del 99% con diferentes secuencias: dos secuencias de *Tagetes* sp con claves de acceso KC800438 y KC800439, *T. patula* con clave de acceso DQ862121, y con *A. persicifolius* TAG-00028, clave de acceso KC800436.

```
TAATGCATGTA CTCCGCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTAAGAG
GTTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTA
AGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCCATCACACAAAACCCA
AAGAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCCGGATGGCTTCGGGC
GCAACTTGC GTTCAAAAAC TCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTACGTTCTTCA
TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCAAGAGTCGTTTCATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATGAGCACACCCG
AAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTATGTATAGTTTGCCTTGGCACGGGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCA
ACATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACGGGGGCCAACAAGGATCGATGCATGAGC
AAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTT
CGCAGGTTACCTACGGAACCTTGTTACAACCTTTTACTTCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. patula* A. TAG-00029.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1284	1284	96%	0.0	99%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1282	1282	95%	0.0	99%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1279	1279	96%	0.0	99%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,	1262	1262	94%	0.0	99%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, a	1223	1223	92%	0.0	99%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. DH-2012 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gen	1192	1192	94%	0.0	97%	JX867645.1
<input type="checkbox"/> Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and intern	1147	1147	87%	0.0	98%	AF413575.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene	1134	1134	95%	0.0	96%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1122	1122	97%	0.0	95%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1112	1112	95%	0.0	95%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1086	1086	94%	0.0	95%	KC800433.1

Comparación de la secuencia de *T. patula* A, TAG-00029 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|DQ862121.1](#) Length: 738 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 709 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1282 bits(694)	0.0	704/709(99%)	0/709(0%)	Plus/Minus	
Query	14	CCGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTA			73
Sbjct	709	CCGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTA			650
Query	74	AGAGGTTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACACACGAGACGACTATGTTACAAACCACC			133
Sbjct	649	AGAGGTTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACACACGAGACGACTATGTTACAAACCACC			590
Query	134	ACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGG			193
Sbjct	589	ACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGG			530
Query	194	GCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCATCACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTGTGGG			253
Sbjct	529	GCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCATCACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTGTGGG			470
Query	254	CAACAAGATGCGTGACGCCAGGACAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACT			313
Sbjct	469	CAACAAGATGCGTGACGCCAGGACAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACT			410
Query	314	TGCGTTCAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTITG			373
Sbjct	409	TGCGTTCAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTITG			350
Query	374	CTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCAAGAGTTCGTTTCATGATTCC			433
Sbjct	349	CTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCAAGAGTTCGTTTCATGATTCC			290
Query	434	AAAGAAGCCACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTAT			493
Sbjct	289	AAAGTAGCCACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTAT			230
Query	494	GTATAGTTTGTCTTGGCACGGGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATG			553
Sbjct	229	GTATAGTTTGTCTTGGCACGGGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATG			170
Query	554	AAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACGGGGCCAAACAAGGATCGATGCATGA			613
Sbjct	169	AAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAAACAAGGATCGATGCATGA			110
Query	614	GCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTGCA			673
Sbjct	109	GCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTGCA			50
Query	674	GGGTTGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC		722	
Sbjct	49	GGGTTGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC		1	

Alineamiento de la secuencia de *T. patula* A, TAG-00029 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. patula B*, TAG-00030 nos dio una secuencia de 742 pares de bases. Esta secuencia fue introducida en el programa BLAST y mostró una similitud del 97% con diferentes secuencias: dos secuencias de *Tagetes sp* con claves de acceso KC800438 y KC800439, *T. patula* con clave de acceso DQ862121, y con *A. persicifolius* TAG-00028, clave de acceso KC800436.

```
TGGTGATGTGTCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGATAAATTAAGAG
GTTTTCCCCTCATGATTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTA
AGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACAGGAGGCCACTTCCGCCCCATCACACAAAACCCA
AAGAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAAACGTGCCCTCAACCCGGATGGCTTCGGGC
GCAACTTGC GTTCAAAAACACTCAATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCAT
CGATGCGTGAGCCAAAATATCCGTTGCCAAAAGTCGTTTCATGATTCCAAAAAACCCACGTACAATGAGCACACCGCA
AACGGGGCATCATGGCACAGGCCCTTCTATGTATAGTTTGCCTTGGCACGGGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAA
CATAATGTCCATGAAGGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCAACGGGGGGCCAAACAAGGATCGATGCATGAGCA
AACAACTCCTTGCAAAGCCTTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTTCC
GCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTACGCTTTTTTAAATTTCCAAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. patula B*. TAG-00030.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1205	1205	96%	0.0	97%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1203	1203	95%	0.0	97%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1199	1199	96%	0.0	97%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1,	1179	1179	94%	0.0	97%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, a	1151	1151	93%	0.0	97%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. DH-2012 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gen	1110	1110	94%	0.0	95%	JX867645.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1068	1068	96%	0.0	94%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene	1068	1068	95%	0.0	94%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and intern	1064	1064	87%	0.0	96%	AF413575.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1051	1051	95%	0.0	94%	KC800427.1

Comparación de la secuencia de *T. patula B*, TAG-00030 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|DQ862121.1](#) Length: 738 Number of Matches: 1

					Related Information	
Range 1: 1 to 712		GenBank	Graphics	▼ Next Match ▲ Previous Match		
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand		
1199 bits(649)	0.0	692/713(97%)	1/713(0%)	Plus/Minus		
Query	10	GTCCAGCCTGACCTGGGGT	CGCGATCGAAACATCATCAA	AGACAATGCACAGGGGATAA	69	
Sbjct	712	GTCCC	GCTGACCTGGGGT	CGCGATCGAAACATCATCAA	AGACAATGCACAGGGG-TAA	654
Query	70	ATTAAGAGGTTTTCCCTCATG	ATTAAAGGAAACACAACACG	GAGACGACTATGTTACAAAC	129	
Sbjct	653	ATTAAGAGGTTTTCCACTCA	AGAGTAAGGAAACACAACAC	GAGACGACTATGTTACAAAC	594	
Query	130	CACCACTAGTCGTGCATCCAT	CTTTAAGAGGACTCTATTTT	TAGGCCAACCATGCCCTAT	189	
Sbjct	593	CACCACTAGTCGTGCATCCAT	CTTTAAGAGGACTCTATTTT	TAGGCCAACCATGCCCTAT	534	
Query	190	GGGGGCACAGGAGGCCACTTT	CCGCCCATCACACAAAACCC	AAAGAGGGAGTCATGGTG	249	
Sbjct	533	GGGGGCACAGGAGGCCACTTT	CCGCCCATCACACAAAACCC	AAAGAGGGAGTCATGGTG	474	
Query	250	TGGGCAACAAGATGCGTGACG	CCCAGGCAAACGTGCCCTCA	ACCGGATGGCTTCGGGCGC	309	
Sbjct	473	TGGGCAACAAGATGCGTGACG	CCCAGGCAAGACGTGCCCTCA	ACCGGATGGCTTCGGGCGC	414	
Query	310	AACTTGCGTTCAAAA	ACTCAATGGTTCACGGGATTCT	GCAATTCACACCAAGTATCGCAT	369	
Sbjct	413	AACTTGCGTTCAAAA	ACTCGATGGTTCACGGGATTCT	GCAATTCACACCAAGTATCGCAT	354	
Query	370	TTTGCTACGTTCTTCATCGAT	GCGTGAGCCAAAATATCCGTT	TGCCAAAAGTCGTTTCATGA	429	
Sbjct	353	TTTGCTACGTTCTTCATCGAT	GCGTGAGCCGAGATATCCGTT	TGCCGAGAGTCGTTTCATGA	294	
Query	430	TTCCAAAAACCCACGTACAAT	GAGCACACCGCAAACGGGGC	ATCATGGCACAGGCCCTT	489	
Sbjct	293	TTCCAAAGTAGCCACGTACAAT	GAGCACACCGCAAACGGGGC	ATCATGGCACAGGCCCTT	234	
Query	490	CTATGTATAGTTTGTCTTGGC	ACGGTGTGCGGGGGTGTATGT	CAACATAATGTC	549	
Sbjct	233	CTATGTATAGTTTGTCTTGGC	ACGGTGTGCGGGGGTGTATGT	CAACATAATGTC	174	
Query	550	CATGAAGCCCATAGGGCAACCAT	GAACTAACATCAACGGGGCC	AACAAGGATCGATGC	609	
Sbjct	173	CATGAAGCCCATAGGGCAACCAT	GAACTAACATCGACAGTGGCC	AACAAGGATCGATGC	114	
Query	610	ATGAGCAAACAATCCTTGCAA	AGCCTTGTGTTGTTACAAGTT	CACAGGTCATTCTGCTT	669	
Sbjct	113	ATGAGCAAACAATCCTTGCAA	AGCCTGTTGTTGTTACAAGTT	CACAGGTCATTCTGCTT	54	
Query	670	TGCAGGGTTCGACAATGATCCTT	CCGCAGGTTACCTACGGAACCTT	GTTAC	722	
Sbjct	53	TGCAGGGTTCGACAATGATCCTT	CCGCAGGTTACCTACGGAACCTT	GTTAC	1	

Alineamiento de la secuencia de *T. patula* B, TAG-00030 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

Para el individuo *T. persicaefolia*, TAG-00028 se obtuvo una secuencia de 739 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank como *A. persicifolius*, con clave de acceso KC800436. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 99% con dos secuencias de *Tagetes* sp con claves de acceso KC800438 y KC800439 y con una secuencia de *T. patula* con clave de acceso DQ862121, entre otras.

```
ACCGGGTGTCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAACATCATCAAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTAAGAGGT
TTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCGTGCATCCATCTTTAAG
AGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAA
GAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGC
AACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATC
GATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCGGAGAGTCTGTTATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATGAGCACACCCGCA
AACGGGGCATCAGGCCACAGGCCCTTCTATGTATAGTTTGCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAA
CATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGCATGAGCAA
ACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCG
CAGGTTACCTACGGAAACCTGTTACGATTTTTACTTTCAAAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. persicaefolia*. TAG-00028.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1	1290	1290	94%	0.0	100%	KC800436.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1306	1306	96%	0.0	99%	KC800439.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1303	1303	96%	0.0	99%	KC800438.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	1303	1303	97%	0.0	99%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1175	1175	87%	0.0	99%	AF413575.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,	1249	1249	94%	0.0	99%	GU818722.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. DH-2012 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ge	1214	1214	95%	0.0	97%	JX867645.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger	1155	1155	97%	0.0	96%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosy	1129	1129	95%	0.0	96%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosy	1149	1149	97%	0.0	96%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and int	1022	1022	87%	0.0	95%	AF413577.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosy	1103	1103	94%	0.0	95%	KC800433.1

Comparación de la secuencia de *T. persicaefolia*, TAG-00028 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800436.1](#) Length: 698 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 698 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1290 bits(698)	0.0	698/698(100%)	0/698(0%)	Plus/Minus	
Query	20	CTGGGGTTCGGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGTAAATTAAGAGGTTTT			79
Sbjct	698	CTGGGGTTCGGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGTAAATTAAGAGGTTTT			639
Query	80	CCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGT			139
Sbjct	638	CCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGT			579
Query	140	GCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACAGGAG			199
Sbjct	578	GCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACAGGAG			519
Query	200	GCCACTTTCGGCCCAACACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGAT			259
Sbjct	518	GCCACTTTCGGCCCAACACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGAT			459
Query	260	GCGTGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAA			319
Sbjct	458	GCGTGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAA			399
Query	320	AAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCT			379
Sbjct	398	AAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCT			339
Query	380	TCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGATTCCAAAGAAGCC			439
Sbjct	338	TCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGATTCCAAAGAAGCC			279
Query	440	ACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTATGTATAGTTT			499
Sbjct	278	ACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTATGTATAGTTT			219
Query	500	GTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGAAAGCCCAT			559
Sbjct	218	GTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGAAAGCCCAT			159
Query	560	AGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGCATGAGCAAACAAT			619
Sbjct	158	AGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGCATGAGCAAACAAT			99
Query	620	CCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGAC			679
Sbjct	98	CCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGAC			39
Query	680	AATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTT	717		
Sbjct	38	AATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTT	1		

Alineamiento de la secuencia de *T. persicaefolia*, TAG-00028 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

Del individuo *T. erecta*, TAG-00032, se obtuvo una secuencia de 739 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% con una secuencia de *T. patula* con clave de acceso DQ862121, una similitud del 99% con dos secuencias de *Tagetes* sp con claves de acceso KC800438 y KC800439 y con *A. persicifolius* TAG-00028, clave de acceso KC800436, entre otras.

```
TAGGGAGGTGTCCGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTAAGAGG
TTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCGTGCATCCATCTTTAA
GAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCATCACACAAAACCCAA
AGAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCG
CAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCAT
CGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGATTCCAAAGTAGCCACGTACAATGAGCACACCGC
AAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCTTGGCAGTGTGTTGTCGGGGGGTTGTTATGTCA
ACATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACATAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGCATGAGCA
ACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTTCC
GCAGGTTACCTACGGAAACCTGTTACGACTTTTACTTCCAAAAGA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. erecta*. TAG-00032.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S r	1310	1310	95%	0.0	100%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer	1312	1312	96%	0.0	99%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer	1306	1306	96%	0.0	99%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; interna	1279	1279	94%	0.0	99%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complet	1170	1170	87%	0.0	99%	AF413575.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S r	1240	1240	92%	0.0	99%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. DH-2012 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.	1214	1214	94%	0.0	98%	JX867645.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8	1138	1138	95%	0.0	96%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed	1118	1118	95%	0.0	95%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed	1134	1134	97%	0.0	95%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, compl	1011	1011	87%	0.0	95%	AF413577.1

Comparación de la secuencia de *T. erecta*, TAG-00032 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|DQ862121.1](#) Length: 738 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 709 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1310 bits(709)	0.0	709/709(100%)	0/709(0%)	Plus/Minus	
Query 12	CCGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTA				71
Sbjct 709	CCGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTA				650
Query 72	AGAGGTTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACC				131
Sbjct 649	AGAGGTTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACC				590
Query 132	ACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGG				191
Sbjct 589	ACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGG				530
Query 192	GCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCATCACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTGTGGG				251
Sbjct 529	GCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCATCACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTGTGGG				470
Query 252	CAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACT				311
Sbjct 469	CAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACT				410
Query 312	TGCGTTCAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTG				371
Sbjct 409	TGCGTTCAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTG				350
Query 372	CTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGATTCC				431
Sbjct 349	CTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGATTCC				290
Query 432	AAAGTAGCCACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTAT				491
Sbjct 289	AAAGTAGCCACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTAT				230
Query 492	GTATAGTTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTATGTCAACATAATGTCCATG				551
Sbjct 229	GTATAGTTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTATGTCAACATAATGTCCATG				170
Query 552	AAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGCATGA				611
Sbjct 169	AAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGCATGA				110
Query 612	GCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTGCA				671
Sbjct 109	GCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTGCA				50
Query 672	GGGTTGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC				720
Sbjct 49	GGGTTGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC				1

Alineamiento de la secuencia de *T. erecta*, TAG-00032 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. moorei*, TAG-00017 nos dio una secuencia de 699 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800433. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 98% con las secuencias de *T. parryi* A TAG-00004 y *T. parryi* B TAG-00010, con clave de acceso KC800422 y KC800427 respectivamente. Ambas secuencias son producto de este trabajo y también fueron admitidas en Genbank.

```
TTCTGCAGGTGCTTCGACTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCGTAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAG
GTTCTCCCCTCAAGATTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTA
AGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCACAGGAGGCCACTTCCGCCCAACACGCAAAACCCA
AATAGGGAGTCATGGTGTGGGCGACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGC
GCAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA
TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAATGAGCACACCCG
AAACGGGGCATCATGGCACAAGCCCTTCTATGTATAGTTTTTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCA
ACATAATGTCCATGAAAGCACATAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGCA
AAAAATCCTTGCAAAGCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTTCC
GCAGGTTACCTACGAAACCTTGTTACGATTTTTTACCTCCCAGA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. moorei*. TAG-00017.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo:	1291	1291	94%	0.0	100%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos:	1234	1234	95%	0.0	98%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos:	1229	1229	95%	0.0	98%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1107	1107	95%	0.0	95%	KC800439.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1103	1103	95%	0.0	95%	KC800438.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	1103	1103	95%	0.0	95%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1	1101	1101	94%	0.0	95%	KC800436.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger	1086	1086	95%	0.0	94%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,	1072	1072	92%	0.0	95%	GU818722.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1044	1044	95%	0.0	93%	KC800432.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int	1044	1044	87%	0.0	96%	AF413577.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1033	1033	95%	0.0	93%	KC800426.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and interr	1031	1031	95%	0.0	93%	KC800428.1

Comparación de la secuencia de *T. moorei*, TAG-00017 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800433.1 Length: 699 Number of Matches: 1

						Related Information
Range 1: 1 to 699 GenBank Graphics						▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand		
1291 bits(699)	0.0	699/699(100%)	0/699(0%)	Plus/Minus		
Query	23	CTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCGTAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCT				82
Sbjct	699	CTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCGTAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCT				640
Query	83	CCCCTCAAGATTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGT				142
Sbjct	639	CCCCTCAAGATTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGT				580
Query	143	GCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCACAGGAG				202
Sbjct	579	GCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCACAGGAG				520
Query	203	GCCACTTTCGCCCCAACACGCAAAACCCAAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCGACAAGAT				262
Sbjct	519	GCCACTTTCGCCCCAACACGCAAAACCCAAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCGACAAGAT				460
Query	263	GCGTGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGC GTTCAA				322
Sbjct	459	GCGTGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGC GTTCAA				400
Query	323	AAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCT				382
Sbjct	399	AAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCT				340
Query	383	TCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAGAAGCC				442
Sbjct	339	TCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAGAAGCC				280
Query	443	ACGTACAATGAGCACACCCGAAACGGGGCATCATGGCACAAGCCCTTCTATGTATAGTTT				502
Sbjct	279	ACGTACAATGAGCACACCCGAAACGGGGCATCATGGCACAAGCCCTTCTATGTATAGTTT				220
Query	503	TTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAAGCACAT				562
Sbjct	219	TTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAAGCACAT				160
Query	563	AAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGCAAAAAAT				622
Sbjct	159	AAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGCAAAAAAT				100
Query	623	CCTTGCAAAGCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGAC				682
Sbjct	99	CCTTGCAAAGCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGAC				40
Query	683	AATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	721			
Sbjct	39	AATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	1			

Alineamiento de la secuencia de *T. moorei*, TAG-00017 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. parryi* A, TAG-00004 nos dio una secuencia de 727 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800422. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma y con la secuencia de *T. parryi* B TAG-00010, cuya clave de acceso es KC800427. *T. parryi* A también presento una similitud del 98% con la secuencia de *T. moorei* TAG-00017, con clave de acceso KC800433.

```
TTAGGTGGGTAGTCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGA
GGTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTT
AAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCACGGGAGGCCACTTTCGCCCCAACACACAAAACCC
AAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGG
CGCAACTTGC GTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTACTCGTTCTC
ATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAGTGAGCACACCG
CAAACGGGCATCATGGCAGCGGCCCTTCTATGTATAGTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTC
AACATAATGTCCATGAAAGCACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGC
AAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTTC
CGCAGGTTACCTACGGAAACCTGTTACGACTATTACTTCCAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. parryi* A. TAG-00004.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1343	1343	98%	0.0	100%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1301	1301	95%	0.0	100%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1219	1219	94%	0.0	98%	KC800433.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1142	1142	97%	0.0	95%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger	1142	1142	97%	0.0	95%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1136	1136	97%	0.0	95%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	1136	1136	97%	0.0	95%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1	1118	1118	94%	0.0	96%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,	1105	1105	94%	0.0	95%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int	1072	1072	87%	0.0	97%	AF413577.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. DH-2012 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ge	1050	1050	95%	0.0	93%	JX867645.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1044	1044	95%	0.0	93%	KC800432.1

Comparación de la secuencia de *T. parryi* A, TAG-00004 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800422.1](#) Length: 727 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 727 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1343 bits(727)	0.0	727/727(100%)	0/727(0%)	Plus/Minus	
Query 1	TTAGGTGGGTAGTCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGC	60			
Sbjct 727	TTAGGTGGGTAGTCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGC	668			
Query 61	ACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTA	120			
Sbjct 667	ACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTA	608			
Query 121	TGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAAC	180			
Sbjct 607	TGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAAC	548			
Query 181	CATGCCCTATGAGGCACGGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGG	240			
Sbjct 547	CATGCCCTATGAGGCACGGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGG	488			
Query 241	AGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGG	300			
Sbjct 487	AGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGG	428			
Query 301	CTTCGGGCGCAACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCA	360			
Sbjct 427	CTTCGGGCGCAACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCA	368			
Query 361	AGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAG	420			
Sbjct 367	AGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAG	308			
Query 421	TCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAGTGAGCACACCCGAAACGGGGCATCATGGC	480			
Sbjct 307	TCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAGTGAGCACACCCGAAACGGGGCATCATGGC	248			
Query 481	ACGGGCCCTTCTATGTATAGTTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCA	540			
Sbjct 247	ACGGGCCCTTCTATGTATAGTTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCA	188			
Query 541	ACATAATGTCCATGAAAGCACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAA	600			
Sbjct 187	ACATAATGTCCATGAAAGCACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAA	128			
Query 601	GGATCAAAGCATAAGCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGT	660			
Sbjct 127	GGATCAAAGCATAAGCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGT	68			
Query 661	CATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGT	720			
Sbjct 67	CATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGT	8			
Query 721	TACGACT 727				
Sbjct 7	TACGACT 1				

Alineamiento de la secuencia de *T. parryi* A, TAG-00004 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. parryi B*, TAG-00010 nos dio una secuencia de 704 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800427. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma y con la secuencia de *T. parryi A* TAG-00004, cuya clave de acceso es KC800422. *T. parryi B* también presento una similitud del 98% con la secuencia de *T. moorei* TAG-00017, con clave de acceso KC800433.

```
TGACTGAATTAAGTCCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGA
GGTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCGTGCATCCATCTTT
AAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCACGGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCC
AAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGG
CGCAACTTTCGTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTACGTTCTC
ATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAGTGAGCACACCG
CAAACGGGGCATCATGGCAGGGCCCTTCTATGTATAGTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTGTGC
AACATAATGTCCATGAAAGCACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGC
AAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTTC
CGCAGGTTACCTACGGAACCTTGTACGATTTTTTACCTCCAGAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. parryi B*. TAG-00010.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1343	1343	98%	0.0	100%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1301	1301	95%	0.0	100%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1219	1219	94%	0.0	98%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1142	1142	97%	0.0	95%	KC800439.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger	1142	1142	97%	0.0	95%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1136	1136	97%	0.0	95%	KC800438.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	1136	1136	97%	0.0	95%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1	1118	1118	94%	0.0	96%	KC800436.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,	1105	1105	94%	0.0	95%	GU818722.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int	1072	1072	87%	0.0	97%	AF413577.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. DH-2012 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ge	1050	1050	95%	0.0	93%	JX867645.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1044	1044	95%	0.0	93%	KC800432.1

Comparación de la secuencia de *T. parryi B*, TAG-00010 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800427.1 Length: 704 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 727 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1343 bits(727)	0.0	727/727(100%)	0/727(0%)	Plus/Minus	
Query 1	TTAGGTGGGTAGTCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGC				60
Sbjct 727	TTAGGTGGGTAGTCCAGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGC				668
Query 61	ACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTA				120
Sbjct 667	ACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTA				608
Query 121	TGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAAC				180
Sbjct 607	TGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAAC				548
Query 181	CATGCCCTATGAGGCACGGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGG				240
Sbjct 547	CATGCCCTATGAGGCACGGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGG				488
Query 241	AGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGG				300
Sbjct 487	AGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGG				428
Query 301	CTTCGGGCGCAACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCA				360
Sbjct 427	CTTCGGGCGCAACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCA				368
Query 361	AGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAG				420
Sbjct 367	AGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAG				308
Query 421	TCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAGTGAGCACACCCGAAACGGGGCATCATGGC				480
Sbjct 307	TCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAGTGAGCACACCCGAAACGGGGCATCATGGC				248
Query 481	ACGGGCCCTTCTATGTATAGTTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCA				540
Sbjct 247	ACGGGCCCTTCTATGTATAGTTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCA				188
Query 541	ACATAATGTCCATGAAAGCACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAA				600
Sbjct 187	ACATAATGTCCATGAAAGCACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAA				128
Query 601	GGATCAAAGCATAAGCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGT				660
Sbjct 127	GGATCAAAGCATAAGCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGT				68
Query 661	CATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGT				720
Sbjct 67	CATTCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGT				8
Query 721	TACGACT 727				
Sbjct 7	TACGACT 1				

Alineamiento de la secuencia de *T. parryi* B, TAG-00010 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. minuta*, TAG-00013 nos dio una secuencia de 691 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800429. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 98% con una secuencia de *T. minuta* con clave de acceso AF413576 y con una secuencia de *T. laxa* con clave de acceso KC800431.

```
TGGGTGAGTTGTCCAGTCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTAAAAATAAGAG
GTTCTCAAGATTCAGGAGACACAACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCACTTTGAGAGG
ACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGACCACTTTCCGCCAAACACACAAAACCCAAAGAAGG
AGTCATGATGTGGGGAACAAGATACGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTG
CGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCG
TGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTATTTCAAAGAAGCCACATACAATGAGCACACCCGCAAACGGGG
CATCATGGCACAAGCCCTTCTATGTATAGTTTGCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTTTGTCAACATAATAT
CCATGAACGCCGATAGGGCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACATCCT
TGCAGAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTCGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTCA
CCTACGGAAACCTTGTTACGATTTTTACCCCTCAAGAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. minuta*. TAG-00013.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Tagetes minuta isolate TAG-00013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed spacer 1, 5.8S	1277	1277	94%	0.0	100%	KC800429.1
Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	1192	1192	94%	0.0	98%	KC800431.1
Tagetes sp. 3 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1129	1129	94%	0.0	96%	KC800430.1
Tagetes minuta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1118	1118	87%	0.0	98%	AF413576.1
Vilobbia praetermissa internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; an	1098	1098	87%	0.0	98%	AF413581.1
Tagetes campanulata internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; a	1083	1083	87%	0.0	97%	AF413574.1
Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	994	994	97%	0.0	92%	KC800422.1
Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	990	990	94%	0.0	92%	KC800433.1
Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	977	977	94%	0.0	92%	KC800427.1
Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	959	959	94%	0.0	91%	KC800432.1
Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	955	955	96%	0.0	91%	KC800439.1

Comparación de la secuencia de *T. minuta*, TAG-00013 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes minuta isolate TAG-00013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 2, and 28S ribosomal RNA gene, complete sequence

Sequence ID: [gb|KC800429.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuclot/KC800429.1) Length: 691 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 1 to 691 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1277 bits(691)	0.0	691/691(100%)	0/691(0%)	Plus/Minus
Query 23	CTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGTAAAATAAGAGTTCT	82		
Sbjct 691	CTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGTAAAATAAGAGTTCT	632		
Query 83	CAAGATTCAGGAGACACAACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATC	142		
Sbjct 631	CAAGATTCAGGAGACACAACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATC	572		
Query 143	CACTTTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGACCACTTT	202		
Sbjct 571	CACTTTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGACCACTTT	512		
Query 203	CCGCCCAAACACACAAAACCCAAAGAAGGAGTCATGATGTGGGGAACAAGATACGTGACG	262		
Sbjct 511	CCGCCCAAACACACAAAACCCAAAGAAGGAGTCATGATGTGGGGAACAAGATACGTGACG	452		
Query 263	CCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAAACCTCGA	322		
Sbjct 451	CCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAAACCTCGA	392		
Query 323	TGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGTTGCTACGTTCTTCATCGAT	382		
Sbjct 391	TGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGTTGCTACGTTCTTCATCGAT	332		
Query 383	GCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTATTTCAAAGAAGCCACATACAA	442		
Sbjct 331	GCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTATTTCAAAGAAGCCACATACAA	272		
Query 443	TGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCACAAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCCCTGG	502		
Sbjct 271	TGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCACAAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCCCTGG	212		
Query 503	CACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTTTGTCAACATAATATCCATGAACGCCGATAGGGCAGG	562		
Sbjct 211	CACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTTTGTCAACATAATATCCATGAACGCCGATAGGGCAGG	152		
Query 563	CCATGAACACACATCGACAAGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCCTTGCAG	622		
Sbjct 151	CCATGAACACACATCGACAAGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCCTTGCAG	92		
Query 623	AGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTCGCAGGGTTCGACAATGATCC	682		
Sbjct 91	AGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTCGCAGGGTTCGACAATGATCC	32		
Query 683	TTCCGCAGGTTACCTACGAAACCTTGTTA 713			
Sbjct 31	TTCCGCAGGTTACCTACGAAACCTTGTTA 1			

Alineamiento de la secuencia de *T. minuta*, TAG-00013 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. terniflora*, TAG-00026 nos dio una secuencia de 727 pares de bases que se muestra en la figura 65. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 99% con la secuencia de *T. laxa*, TAG-00015 con clave de acceso KC800431, y dio una similitud del 98% con una secuencia de *T. minuta*, TAG-00013, con clave de acceso KC800429. Estas 2 secuencias son producto de este trabajo y fueron admitidas en Genbank.

```
TCTGTTAGTTCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTAAAATAAGAGGTT
CTCAAGATTCAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCGTGCATCCACTCTGAGAGGACT
CTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGGCCACTTCCGCCCAAACACACACACCCAAATAAGGAGT
CATGGTGTGGGGAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGC
TTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTG
AGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTATTCCAAAGAAGCCACATACAATGAGCACACCACAAACGGGGCA
TCATGGCAGGACCCCTTCTATGTATAGTTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTTTGTCAACATAATATCC
ATGAACACCAATATGGCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCCTTG
CAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACC
TACGAAACCTGTTACGTTTTTTTACATTTTCAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. terniflora*. TAG-00026.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal	1275	1275	95%	0.0	99%	KC800431.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes minuta isolate TAG-00013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed spacer 1, 5.8S r	1194	1194	94%	0.0	98%	KC800429.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 3 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1140	1140	94%	0.0	96%	KC800430.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes campanulata internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; an	1099	1099	87%	0.0	98%	AF413574.1
<input type="checkbox"/>	Vilobia praetermissa internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and	1075	1075	87%	0.0	97%	AF413581.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes minuta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inter	1074	1074	87%	0.0	97%	AF413576.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1003	1003	96%	0.0	92%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	990	990	94%	0.0	92%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	989	989	95%	0.0	92%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene	965	965	95%	0.0	92%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	953	953	95%	0.0	91%	KC800432.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	950	950	96%	0.0	91%	KC800438.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	948	948	96%	0.0	91%	KC800439.1

Comparación de la secuencia de *T. terniflora*, TAG-00026 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800431.1](#) Length: 697 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 697 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1275 bits(690)	0.0	695/697(99%)	1/697(0%)	Plus/Minus	
Query 15	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTTAAAATAAGAG				74
Sbjct 697	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTTAAAATAAGAG				638
Query 75	GTTCTCAAGATT CAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAAACCACCTAGTCGT				134
Sbjct 637	GTTCTCAAGATT CAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAAACCACCTAGCCGT				578
Query 135	GCATCCACTCTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCATGAGCACAGGAGGCC				194
Sbjct 577	GCATCCACTCTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCATGAGCACAGGAGGCC				518
Query 195	ACTTTCCGCCCAAACACACACAACCCAAATAAGGAGTCATGGTGTGGGGAACAAGATGCG				254
Sbjct 517	ACTTTCCGCCCAAACACACACAACCCAAATAAGGAGTCATGGTGTGGGGAACAAGATGCG				458
Query 255	TGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAAA				314
Sbjct 457	TGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAAA				398
Query 315	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA				374
Sbjct 397	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA				338
Query 375	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTTATTCCAAAGAAGCCACA				434
Sbjct 337	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTTATTCCAAAGAAGCCACA				278
Query 435	TACAATGAGCACACCACAAACGGGGCATCATGGCAGAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTC				494
Sbjct 277	TACAATGAGCACACCACAAACGGGGCATCATGGCAGAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTC				218
Query 495	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTTGTCAACATAATATCCATGAACACCAATATG				554
Sbjct 217	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTTGTCAACATAATATCCATGAACACCAATATG				158
Query 555	GCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGG-CCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCC				613
Sbjct 157	GCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCC				98
Query 614	TTGCAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTCAGGGTTCGACAA				673
Sbjct 97	TTGCAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTCAGGGTTCGACAA				38
Query 674	TGATCCTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 710				
Sbjct 37	TGATCCTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 1				

Figura 67. Alineamiento de la secuencia de *T. terniflora*, TAG-00026 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. laxa*, TAG-00015 nos dio una secuencia de 697 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800431. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 98% con la secuencia de *T. minuta*, TAG-00013, con clave de acceso KC800429. También mostró una similitud del 97% con una secuencia de *Tagetes sp* con clave de acceso KC800430.

```
TCGGGTTGTCCGCCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTTAAAATAAGAGGTT
CTCAAGATTCAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGCCGTGCATCCACTCTGAGAGGACT
CTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGGCCACTTCCGCCCAAACACACACAACCCAAATAAGGAGT
CATGGTGTGGGAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCG
TTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTG
AGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTATTCCAAAGAAGCCACATACAATGAGCACACCACAAACGGGGCA
TCATGGCAGCAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTTTGTCAACATAATATCC
ATGAACACCAATATGGCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCCTT
GCAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTCAGGGTTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTTAC
CTACGGAAACCTTGTTACGATTTTTTACACTCCCAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. laxa*. TAG-00015.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	1288	1288	95%	0.0	100%	KC800431.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes minuta isolate TAG-00013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed spacer 1, 5.8S	1182	1182	94%	0.0	98%	KC800429.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 3 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1146	1146	94%	0.0	97%	KC800430.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes campanulata internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; a	1101	1101	87%	0.0	98%	AF413574.1
<input type="checkbox"/>	Vilobia praetermissa internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; an	1077	1077	87%	0.0	97%	AF413581.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes minuta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1074	1074	87%	0.0	97%	AF413576.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	994	994	97%	0.0	92%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	979	979	94%	0.0	92%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	977	977	95%	0.0	92%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger	965	965	97%	0.0	91%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	955	955	95%	0.0	91%	KC800432.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	950	950	95%	0.0	91%	KC800426.1

Comparación de la secuencia de *T. laxa*, TAG-00015 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800431.1](#) Length: 697 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 697 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1288 bits(697)	0.0	697/697(100%)	0/697(0%)	Plus/Minus	
Query	14	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTTAAAATAAGAG			73
Sbjct	697	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTTAAAATAAGAG			638
Query	74	GTTCTCAAGATTGAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGCCGT			133
Sbjct	637	GTTCTCAAGATTGAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGCCGT			578
Query	134	GCATCCACTCTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGGCC			193
Sbjct	577	GCATCCACTCTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGGCC			518
Query	194	ACTTTCGCCCCAACACACACAACCCAAATAAGGAGTCATGGTGTGGGGAACAAGATGCG			253
Sbjct	517	ACTTTCGCCCCAACACACACAACCCAAATAAGGAGTCATGGTGTGGGGAACAAGATGCG			458
Query	254	TGACGCCAGGCAGACGTCGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCCTTCAAAA			313
Sbjct	457	TGACGCCAGGCAGACGTCGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCCTTCAAAA			398
Query	314	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCA			373
Sbjct	397	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCA			338
Query	374	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTATTCCAAAGAAGCCACA			433
Sbjct	337	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTATTCCAAAGAAGCCACA			278
Query	434	TACAATGAGCACACCACAAACGGGGCATCATGGCAGAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTG			493
Sbjct	277	TACAATGAGCACACCACAAACGGGGCATCATGGCAGAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTG			218
Query	494	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTTTGTCAACATAATATCCATGAACACCAATATG			553
Sbjct	217	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTTTGTCAACATAATATCCATGAACACCAATATG			158
Query	554	GCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCC			613
Sbjct	157	GCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCC			98
Query	614	TTGCAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTCAGGGTTCGACAA			673
Sbjct	97	TTGCAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTCAGGGTTCGACAA			38
Query	674	TGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 710			
Sbjct	37	TGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 1			

Alineamiento de la secuencia de *T. laxa*, TAG-00015 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. lucida A*, TAG-00020 nos dio una secuencia de 697 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800435. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 99% con dos secuencias de *T. lucida*, con claves de acceso DQ862120 AF374930.

```
TTATAGAGGTTGTACCTGCACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGGCAATGCAAAGGGTTAACTTTGAG
GTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACATGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTAAGA
GGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACATGCCCCATAAATA
TATGATGGCGTGCTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGGCGC
AACTTGCGTTCAAAAACACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTACGTTCTTCATC
GATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTAACAAAAGGCCACATACAATGAGCACACCACAA
ATGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGTTGTTATTTGGCCA
ATGTGATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGATCGAGGCAAAAGCA
TCAATCCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGGATTGCACAATGATCCTTCCG
CAGGTTACCTACGGAACCTTGTTACGATTTTTTAACTTTCAAAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. lucida A*. TAG-00020.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1288	1288	93%	0.0	100%	KC800435.1
Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	1301	1301	95%	0.0	99%	DQ862120.1
Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete ser	1170	1170	87%	0.0	99%	AF374930.1
Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1253	1253	94%	0.0	99%	KC800437.1
Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte	1129	1129	87%	0.0	98%	AF413579.1
Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	1181	1181	95%	0.0	97%	DQ862118.1
Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	850	850	69%	0.0	96%	KC800424.1
Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int	1033	1033	86%	0.0	96%	AF413578.1
Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequer	885	885	87%	0.0	91%	AF413580.1
Tagetes subulata isolate TAG-00005 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S rib	723	723	78%	0.0	89%	KC800423.1
Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	815	815	95%	0.0	88%	KC800422.1
Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	808	808	94%	0.0	88%	KC800427.1

Comparación de la secuencia de *T. lucida A*, TAG-00020 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
 Sequence ID: gb|KC800435.1 Length: 697 Number of Matches: 1

[Related Information](#)

Range 1: 1 to 697 [GenBank](#) [Graphics](#)

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1288 bits(697)	0.0	697/697(100%)	0/697(0%)	Plus/Minus
Query 24	TGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAAGGCAATGCAAAGGGTTAAACTTTGAGGTTCTC			83
Sbjct 697	TGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAAGGCAATGCAAAGGGTTAAACTTTGAGGTTCTC			638
Query 84	CCCTCAAGATAAGAGACACAACATGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCA			143
Sbjct 637	CCCTCAAGATAAGAGACACAACATGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCA			578
Query 144	TCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAGACCAATA			203
Sbjct 577	TCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAGACCAATA			518
Query 204	TCCGCCAACACACATGCCCCATAAATATATGATGGCGTGCTGTGGGCAACATGATGCG			263
Sbjct 517	TCCGCCAACACACATGCCCCATAAATATATGATGGCGTGCTGTGGGCAACATGATGCG			458
Query 264	TGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGGCGCAACTTGC GTTCAAAAA			323
Sbjct 457	TGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGGCGCAACTTGC GTTCAAAAA			398
Query 324	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTCTTGTACGTTCTTCA			383
Sbjct 397	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTCTTGTACGTTCTTCA			338
Query 384	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTAACAAAAGGCCACA			443
Sbjct 337	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTAACAAAAGGCCACA			278
Query 444	TACAATGAGCACACCACAAATGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTAGTTTTCC			503
Sbjct 277	TACAATGAGCACACCACAAATGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTAGTTTTCC			218
Query 504	TTGGCACATGTTGTGCCGGGGTGTGTTATTTGGCCAATGTGATGTCCATGAAGGCCCTAT			563
Sbjct 217	TTGGCACATGTTGTGCCGGGGTGTGTTATTTGGCCAATGTGATGTCCATGAAGGCCCTAT			158
Query 564	GGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGATCGAGGCAAAGCATCAATCC			623
Sbjct 157	GGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGATCGAGGCAAAGCATCAATCC			98
Query 624	CCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGGATTGACAA			683
Sbjct 97	CCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGGATTGACAA			38
Query 684	TGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 720			
Sbjct 37	TGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA 1			

Alineamiento de la secuencia de *T. lucida* A, TAG-00020 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo *T. lucida B*, TAG-00021 nos dio una secuencia de 739 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 99% con 4 secuencias diferentes; 3 son secuencias de *T. lucida*, una de ellas es secuencia *T. lucida A*, TAG-00020 con clave de acceso KC800435 y las otras 2 con clave de acceso DQ862120 y AF374930. La cuarta secuencia es una de *Tagetes sp* con clave de acceso KC800437. *T. lucida B*, también presento una similitud del 98% con otra secuencia de *T. lucida* con clave de acceso AF413579.

```
GTGGCGAGTGTCCACCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGGCAATGCAACGGGTAAACTTTGAGG
TTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCGTGCATCCATCTTAAGAG
GACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACATGCCACATAAAATATA
TGATGGCGTGGTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAA
CTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCATCGA
TGCCTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCTGTTTATGATTAACAAAAGGCCACATACAATGAGCACACCACAAT
GGGCGATCATGGCAAAGGCCCTTCTATGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTGTATTGTTGCCAAAT
GTGATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGATCGATGCAAAAGCATC
AATCCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCAATTCTGCTATGCAGGATTCGACAATGATCCTCCGCA
GGTTCACCTACGGAAACCTTGTACGACTTTTTACTTTCCAGAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. lucida B*. TAG-00021.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete seq	1170	1170	87%	0.0	99%	AF374930.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1275	1275	95%	0.0	99%	DQ862120.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	1254	1254	94%	0.0	99%	KC800435.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1258	1258	94%	0.0	99%	KC800437.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and intern	1129	1129	87%	0.0	98%	AF413579.1
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1188	1188	95%	0.0	97%	DQ862118.1
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	863	863	70%	0.0	97%	KC800424.1
<input type="checkbox"/> Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1033	1033	87%	0.0	96%	AF413578.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequenc	891	891	87%	0.0	91%	AF413580.1

Comparación de la secuencia de *T. lucida B*, TAG-00021 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|DQ862120.1 Length: 737 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 708 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1275 bits(690)	0.0	702/708(99%)	0/708(0%)	Plus/Minus	
Query 12		CCACCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGGCAATGCAACGGGTAAACTT			71
Sbjct 708		CCACCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGGCAATGCAACGGGTAAACTT			649
Query 72		TGAGGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACCGAGACGACTATGTTACAAACCACCAC			131
Sbjct 648		TGAGGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACCGAGACGACTATGTTACAAACCACCAC			589
Query 132		TAGTCGTGCATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAG			191
Sbjct 588		TAGTCGTGCATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAG			529
Query 192		GAGACCAATATCCGCCCAACAACACATGCCACATAAATATATGATGGCGTGGTGTGGGCA			251
Sbjct 528		GAGACCAATATCCGCCCAACAACACATGCCACATAAATATATGATGGCGTGGTGTGGGCA			469
Query 252		ACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTG			311
Sbjct 468		ACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTG			409
Query 312		CGTTCAAAACACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTCT			371
Sbjct 408		CGTTCAAAACACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTCT			349
Query 372		ACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTAACA			431
Sbjct 348		ACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTAACA			289
Query 432		AAAGGCCACATACAATGAGCACACCACAAATGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTATGT			491
Sbjct 288		AAAGGCCACATACAATGAGCACACCACAAATGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGT			229
Query 492		TTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTGTATTATTTGGCCAATGTGATGTCCATG			551
Sbjct 228		TTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTGTATTATTTGGCCAATGTGATGTCCATG			169
Query 552		AAGGCCCTATGGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGATCGATGCAAAA			611
Sbjct 168		AAGGCCCTATGGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGATCGAGGCAAAA			109
Query 612		GCATCAATCCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAG			671
Sbjct 108		GCATCAATCCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAG			49
Query 672		GATTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC			719
Sbjct 48		GATTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC			1

Alineamiento de la secuencia de *T. lucida* B, TAG-00021 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. arenicola*, TAG-00037 nos dio una secuencia de 736 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% con una secuencia de *Tagetes sp* con clave de acceso KC800437. También mostró una similitud del 99% con 3 secuencias de *T. lucida* cada con claves de acceso AF374930, KC800435 y DQ862120. *T. arenicola* presentó una similitud del 97% con *T. filifolia* TAG-00007 con claves de acceso KC800424 y con otra secuencia de *T. filifolia* con clave de acceso DQ862118.

```
AGCAGGTGTCCACCTGACCTGGGGTCACAATCGAAGCATTGTCAAAAGGCAATGCAACGGGTAAACTTTGAGGTTCC
TCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCGTGCATCCATCTTAAGAGGGA
CTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACATGCCCCACAAATATAT
GATGGCATGGTGTGGGCAACATGATGCGCGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGGCGCAAC
TTGCGTTCAAAAACCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGAT
GCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTATGATTAACAAAAGGCCACATACAATGAGCACACCACAAATG
GGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGTTGTTATTTGGCCAATG
TGATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGATCGAGGCCAAAAGCATCA
ATCCCGCAAATCCATGTTGTTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGGATTCGACAATGATCCTTCCGCAG
GTTCACTACGGAAACCTTGTTACGCTTTTTACTTTCAAAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. arenicola*. TAG-00037.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete seq.	1170	1170	87%	0.0	99%	AF374930.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1275	1275	95%	0.0	99%	DQ862120.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	1254	1254	94%	0.0	99%	KC800435.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1258	1258	94%	0.0	99%	KC800437.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and intern	1129	1129	87%	0.0	98%	AF413579.1
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1188	1188	95%	0.0	97%	DQ862118.1
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	863	863	70%	0.0	97%	KC800424.1
<input type="checkbox"/> Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1033	1033	87%	0.0	96%	AF413578.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequen	891	891	87%	0.0	91%	AF413580.1

Comparación de la secuencia de *T. arenicola*, TAG-00037 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|DQ862120.1](#) Length: 737 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 719 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1271 bits(688)	0.0	709/719(99%)	2/719(0%)	Plus/Minus	
Query	1	AGCAGGT-GT-CCACCTGACCTGGGGTCACAATCGAAGCATTGTCAAAGGCAATGCAAC	58		
Sbjct	719	AGCGGGTAGTCCCACCTGACCTGGGGTCGAATCGAAGCATTGTCAAAGGCAATGCAAA	660		
Query	59	GGGTTAAACTTTGAGGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTA	118		
Sbjct	659	GGGTTAAACTTTGAGGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACATGAGACGACTATGTTA	600		
Query	119	CAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCA	178		
Sbjct	599	CAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCA	540		
Query	179	CAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCAACACACATGCCCCACAAATATATGATGGCA	238		
Sbjct	539	CAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCAACACACATGCCCCATAAATATATGATGGCG	480		
Query	239	TGGTGTGGGCAACATGATGCGCGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCG	298		
Sbjct	479	TGCTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCG	420		
Query	299	GGCGCAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTACACCAAGTAT	358		
Sbjct	419	GGCGCAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTACACCAAGTAT	360		
Query	359	CGCATTCTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTT	418		
Sbjct	359	CGCATTCTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTT	300		
Query	419	TATGATTAACAAAAGGCCACATACAATGAGCACACCACAAATGGGGCATCATGGCAAAGG	478		
Sbjct	299	TATGATTAACAAAAGGCCACATACAATGAGCACACCACAAATGGGGCATCATGGCAAAGG	240		
Query	479	CCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTGTTATTTGGCCAATG	538		
Sbjct	239	CCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTGTTATTTGGCCAATG	180		
Query	539	TGATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGA	598		
Sbjct	179	TGATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAGCATGAACACACATCGACTAGGCTCTACAAGGA	120		
Query	599	TCGAGGCAAAAGCATCAATCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTACAAGTCATT	658		
Sbjct	119	TCGAGGCAAAAGCATCAATCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTACAAGTCATT	60		
Query	659	CTGCTATGCAGGATTGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTAC	717		
Sbjct	59	CTGCTATGCAGGATTGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTAC	1		

Alineamiento de la secuencia de *T. arenicola*, TAG-00037 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. filifolia* A, TAG-00006 nos dio una secuencia de 745 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 99% con la secuencia de *T. filifolia* TAG-00007, con clave de acceso KC800424. Dio una similitud del 98% con otra secuencia de *T. filifolia* con clave de acceso DQ862118, y una similitud del 97% con una secuencia de *T. pringlei* con clave de acceso AF413578.

```
TAAGGGGTGTTCCCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCTAAAGGCAATGCACCGGGTTAACTTTGAGGTTCTCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAATATATGGTGGCATGGTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAATGGCTTCGGGCGCAACTTTCGTTCAAAAACCTCGATGGTTACAGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGTTTGTATTTGGCCAAATATGATTCATGAAGGCCCTATGGGCAAAGCATGAACACACATTGACTAGGCTCTACAAGGATCAAGGCAAAGCATCTATCCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAACCTTCGCAAGTCATTCTACTATGCAGGATCAACAATGATCCTTCCGCAAGTTGGCCTACCGCCGGCTTGTACGACTTTTTCTTCCAACAGAAGACCCC
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. filifolia* A. TAG-00006.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	913	913	69%	0.0	99%	KC800424.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1208	1208	93%	0.0	98%	DQ862118.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte	1094	1094	86%	0.0	97%	AF413578.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete seq	1068	1068	86%	0.0	96%	AF374930.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1133	1133	92%	0.0	96%	KC800437.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1129	1129	93%	0.0	96%	DQ862120.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	1116	1116	92%	0.0	96%	KC800435.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and intern	1029	1029	86%	0.0	95%	AF413579.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequen	861	861	86%	0.0	91%	AF413580.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes subulata isolate TAG-00005 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	730	730	75%	0.0	90%	KC800423.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	752	752	92%	0.0	86%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte	697	697	86%	0.0	86%	AF413577.1

Comparación de la secuencia de *T. filifolia* A, TAG-00006 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800424.1](#) Length: 727 Number of Matches: 1

[Related Information](#)

Range 1: 197 to 711 [GenBank](#) [Graphics](#)

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
913 bits(494)	0.0	509/516(99%)	1/516(0%)	Plus/Minus
Query 13	CCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCTAAAGGCAATGCACCGGGTTAAACTTTGA	72		
Sbjct 711	CCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAAGACAATGCACCGGGTTAAACTTTGA	652		
Query 73	GGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAG	132		
Sbjct 651	GGTTCTCCCCTCTAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAG	592		
Query 133	TCGTGCATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAAATGGCACAGGA	192		
Sbjct 591	TCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAA-TGGCATAGGA	533		
Query 193	GACCAATATCCGCCAACACACACGCTCCATAAATATATGGTGGCATGGTGTGGGCAAC	252		
Sbjct 532	GACCAATATCCGCCAACACACACGCTCCATAAATATATGGTGGCATGGTGTGGGCAAC	473		
Query 253	ATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCG	312		
Sbjct 472	ATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCG	413		
Query 313	TTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTAC	372		
Sbjct 412	TTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTAC	353		
Query 373	GTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAA	432		
Sbjct 352	GTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAA	293		
Query 433	AGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTT	492		
Sbjct 292	AGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTT	233		
Query 493	AGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTTGT 528			
Sbjct 232	AGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTTGT 197			

Alineamiento de la secuencia de *T. filifolia* A, TAG-00006 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. filifolia* B, TAG-00025 dio una secuencia de 743 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 99% con la secuencia de *T. filifolia* TAG-00007, con clave de acceso KC800424 y con otra secuencia de *T. filifolia* con clave de acceso DQ862118.

```
TTGGCGGGGGTTGTCCACCTGACCTGGGGTTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGACAATGCACCGGGTTAACTTTGA
GGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACGCGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAG
AGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAAT
ATATGGTGGCATGGTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGACAGCGTCCCTCAACCAATGGCTTCGGGGC
CAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCAT
CGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCGCA
AACGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCCCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGGTTTGTATTTGGC
CAATATGATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAAGCATGAACACGCATTGACTAGGCTCTACAAGGATCAGGGCAAAA
GCATCAATCCCCGCAAATCCATGGTGTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGGATTGACAATGATCCTT
CCGCAGTTTCACCTACGGAACCTTGTTACGACTTTTTACTTCCAGAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. filifolia* B. TAG-00025.

Sequences producing significant alignments:

Select [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	937	937	69%	0.0	99%	KC800424.1
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1280	1280	96%	0.0	99%	DQ862118.1
<input type="checkbox"/> Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1118	1118	87%	0.0	98%	AF413578.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1171	1171	94%	0.0	97%	KC800437.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	1157	1157	94%	0.0	97%	KC800435.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete seq	1072	1072	87%	0.0	96%	AF374930.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1179	1179	96%	0.0	96%	DQ862120.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and intern	1042	1042	87%	0.0	96%	AF413579.1
<input type="checkbox"/> Tagetes subulata isolate TAG-00005 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	749	749	75%	0.0	91%	KC800423.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequen	865	865	87%	0.0	91%	AF413580.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	822	822	97%	0.0	87%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	802	802	94%	0.0	87%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	787	787	94%	0.0	87%	KC800433.1

Comparación de la secuencia de *T. foetidissima*, TAG-00023 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|DQ862118.1](#) Length: 739 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 718 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1280 bits(693)	0.0	710/718(99%)	1/718(0%)	Plus/Minus	
Query	8	GGGTTGT-CCACCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAAGACAATGCACCGGG			66
Sbjct	718	GGGTAGTCCCACCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAAGACAATGCACCGGG			659
Query	67	TTAAACTTTGAGGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACGCGAGACGACTATGTTACAA			126
Sbjct	658	TTAAACTTTGAGGTTCTCCCCTCTAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAA			599
Query	127	ACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAA			186
Sbjct	598	ACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAA			539
Query	187	TGGCACAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAATATATGGTGGCATGG			246
Sbjct	538	TGGCATAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAATATATGGTGGCATGG			479
Query	247	TGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTTCGGGC			306
Sbjct	478	TGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTTCGGGC			419
Query	307	GCAACTTGC GTTCAAAAAC TCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGC			366
Sbjct	418	GCAACTTGC GTTCAAAAAC TCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGC			359
Query	367	ATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGT			426
Sbjct	358	ATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGT			299
Query	427	GATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAAAGGCC			486
Sbjct	298	GATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAAAGGCC			239
Query	487	TTCTGTGTTTAGTTTTCCCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTTGTATTGGCCAATATG			546
Sbjct	238	TTCTGTGTTTAGTTTTCCCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTTGTATTGGCCAATATG			179
Query	547	ATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAAGCATGAACACGCATTGACTAGGCTCTACAAGGAT			606
Sbjct	178	ATGTCCATGAAGGCCCTATGGGCAAAGCATGAACACACATTGACTAGGCTCTACAAGGAT			119
Query	607	CAGGGCAAAGCATCAATCCCCGCAATCCATGGTGTGTTACAAGTTCACAAGTCATTC			666
Sbjct	118	CAAGGCAAAGCATCAATCCCCGCAATCCATGGTGTGTTACAAGTTCACAAGTCATTC			59
Query	667	TGCTATGCAGGATTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC			724
Sbjct	58	TGCTATGCAGGATTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC			1

Alineamiento de la secuencia de *T. filifolia* B, TAG-00025 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. filifolia* C, TAG-00007 nos dio una secuencia de 757 pares de bases que se muestra en la figura 86. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800424. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, una similitud del 99% con otra secuencia de *T. filifolia* con clave de acceso DQ862118, y una similitud del 98% con una secuencia de *T. pringlei* con clave de acceso AF413578.

```
TAAAGTGAGTATTCCACCTGACCTGGGGTGCGAATCGAAGCATTGTCAAAAAGACAATGCACCGGGTTAACTTTGAG
GTTCTCCCCTCTAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGA
GGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCATAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAATAT
ATGGTGCCATGGTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAATGGCTTCGGGGCGCA
ACTTGCGTTCAAAAACCTGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCG
ATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCCGAAA
CGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGGTTGTTGTGTGGAAA
ATGACATAACCGGGAAGCCCTCAAAAAGGGAACACGAACAACCGGTGTTTTGTAACCTCTACGAGCCCGGGGGAGC
CCTTATACTCCCGGGAAAACCCCGGTGGTTTAAACCGGGCACAATTTTTTTGGCAAGCGGGAATTGGAGAAACC
CCCGCCGGGGGGGGCCCCCCCCCGAAATTTGAAAAAAAAAAAAAAAAAACCAAAAAAAAACTTC
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. filifolia*. TAG-00007.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1343	1343	96%	0.0	100%	KC800424.1
<input type="checkbox"/> Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	952	952	68%	0.0	99%	DQ862118.1
<input type="checkbox"/> Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int	856	856	65%	0.0	98%	AF413578.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sec	830	830	65%	0.0	97%	AF374930.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	854	854	67%	0.0	97%	KC800437.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	856	856	68%	0.0	97%	DQ862120.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	837	837	67%	0.0	96%	KC800435.1
<input type="checkbox"/> Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte	802	802	65%	0.0	96%	AF413579.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete seque	734	734	66%	0.0	93%	AF413580.1
<input type="checkbox"/> Tagetes subulata isolate TAG-00005 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S rib	725	725	68%	0.0	92%	KC800423.1
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int	614	614	66%	5e-172	89%	AF413577.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	632	632	68%	1e-177	89%	KC800427.1

Comparación de la secuencia de *T. filifolia* C, TAG-00007 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800424.1](#) Length: 727 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 727 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1343 bits(727)	0.0	727/727(100%)	0/727(0%)	Plus/Minus	
Query 1	TAAAGTGAGTATTCCACCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAAGACAATGCA	60			
Sbjct 727	TAAAGTGAGTATTCCACCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAAGACAATGCA	668			
Query 61	CCGGGTTAAACTTTGAGGTTCTCCCTCTAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGT	120			
Sbjct 667	CCGGGTTAAACTTTGAGGTTCTCCCTCTAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGT	608			
Query 121	TACAAACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACAC	180			
Sbjct 607	TACAAACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACAC	548			
Query 181	CACAATGGCATAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAATATATGGTGG	240			
Sbjct 547	CACAATGGCATAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAATATATGGTGG	488			
Query 241	CATGGTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTT	300			
Sbjct 487	CATGGTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTT	428			
Query 301	CGGGCGCAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTACACCAAGT	360			
Sbjct 427	CGGGCGCAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTACACCAAGT	368			
Query 361	ATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCG	420			
Sbjct 367	ATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCG	308			
Query 421	TTTGTGATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAA	480			
Sbjct 307	TTTGTGATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAA	248			
Query 481	GGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGGTGTGTGTGGAAA	540			
Sbjct 247	GGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGGTGTGTGTGGAAA	188			
Query 541	ATGACATAACCGGGAAGCCCTCAAAAGGGAACACGAACAAACGGTGTGTTTGTAACTTCT	600			
Sbjct 187	ATGACATAACCGGGAAGCCCTCAAAAGGGAACACGAACAAACGGTGTGTTTGTAACTTCT	128			
Query 601	ACGAGCCCGGGGAGCCCTTATACTCCCGGGAAAACCCCGGTGGTTTAAACCGGGCAC	660			
Sbjct 127	ACGAGCCCGGGGAGCCCTTATACTCCCGGGAAAACCCCGGTGGTTTAAACCGGGCAC	68			
Query 661	AAAttttttGGCAAGCGGGAATTGGAGAAACCCCGCCGgggggggccccccccGAA	720			
Sbjct 67	AAATTTTTTGGCAAGCGGGAATTGGAGAAACCCCGCCGgggggggccccccccGAA	8			
Query 721	AATTTG _a 727				
Sbjct 7	AATTTGA 1				

Alineamiento de la secuencia de *T. filifolia* C, TAG-00007 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. micrantha*, TAG-00019 nos dio una secuencia de 738 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 99% con 2 secuencias de *T. filifolia*, una con clave de acceso DQ862118, y otra con clave de acceso KC800424 que corresponde a *T. filifolia* TAG-00007, obtenida también en este trabajo. *T. micrantha* mostró una similitud del 98% con una secuencia de *T. pringlei* con clave de acceso AF413578.

```
GATCATGGTGTTCCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGACAATGCACCGGGTTAACTTTGAGGTT
CTCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAGGA
CTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAGACCAATATCCGCCCAACAACACACGCTCCATAAATATATG
GTGGCATGGTGTGGGCAACATGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAATGGCTTCGGGGCGCAACTT
GCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGC
GTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAAAGGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGG
GCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTAGTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGGTTTGTATTTGGCCAATATG
ATGTCCATGAAGCCCTATGGGCAAAGCATGAACACACATTGACTAGGCTCTACAAGGATCAAGGCAAAGCATCAA
TCCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGGATTCGACAATGATCCTTCCGCAGG
TTCACCTACGGAACCTTGTTACGACTTTTTACTTCCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. micrantha*. TAG-00019.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1295	1295	95%	0.0	99%	DQ862118.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	935	935	69%	0.0	99%	KC800424.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1140	1140	87%	0.0	98%	AF413578.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1194	1194	95%	0.0	97%	KC800437.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1194	1194	95%	0.0	97%	DQ862120.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida isolate TAG-00020 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosoi	1179	1179	94%	0.0	97%	KC800435.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequ	1094	1094	87%	0.0	97%	AF374930.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and interr	1053	1053	88%	0.0	96%	AF413579.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequenc	887	887	87%	0.0	91%	AF413580.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes subulata isolate TAG-00005 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	750	750	75%	0.0	91%	KC800423.1

Comparación de la secuencia de *T. micrantha*, TAG-00019 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|DQ862118.1](#) Length: 739 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 707 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1295 bits(701)	0.0	705/707(99%)	0/707(0%)	Plus/Minus	
Query	14	CCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGACAATGCACCGGGTTAAACTTTGA			73
Sbjct	707	CCTGACCTGGGGTCGCAATCGAAGCATTGTCAAAGACAATGCACCGGGTTAAACTTTGA			648
Query	74	GGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAG			133
Sbjct	647	GGTTCTCCCCTCTAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAG			588
Query	134	TCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCACAGGAG			193
Sbjct	587	TCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTACACCACAATGGCATAGGAG			528
Query	194	ACCAATATCCGCCAACACACACGCTCCATAAATATATGGTGGCATGGTGTGGGCAACA			253
Sbjct	527	ACCAATATCCGCCAACACACACGCTCCATAAATATATGGTGGCATGGTGTGGGCAACA			468
Query	254	TGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			313
Sbjct	467	TGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCCT			408
Query	314	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACG			373
Sbjct	407	TCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACG			348
Query	374	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAAA			433
Sbjct	347	TTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTGTGATTAACAAAA			288
Query	434	GGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTA			493
Sbjct	287	GGCCACATACTATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCAAAGGCCCTTCTGTGTTTA			228
Query	494	GTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTTGTATTTGGCCAATATGATGTCCATGAA			553
Sbjct	227	GTTTTCTTGGCACATGTTGTGCCGGGGTTTGTATTTGGCCAATATGATGTCCATGAA			168
Query	554	GGCCCTATGGGCAAAGCATGAACACACATTGACTAGGCTCTACAAGGATCAAGGCAAAAG			613
Sbjct	167	GGCCCTATGGGCAAAGCATGAACACACATTGACTAGGCTCTACAAGGATCAAGGCAAAAG			108
Query	614	CATCAATCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGG			673
Sbjct	107	CATCAATCCCGCAAATCCATGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTATGCAGG			48
Query	674	ATTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTAC		720	
Sbjct	47	ATTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTAC		1	

Alineamiento de la secuencia de *T. micrantha*, TAG-00019 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo *T. subulata*, TAG-00005 nos dio una secuencia de 727 pares de bases. Esta secuencia fue admitida en la base de datos de Genbank con clave de acceso: KC800423. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% consigo misma, y una similitud del 96% con la secuencia de *A. persicaefolia* con clave de acceso AF413580. *T. subulata* mostró también una similitud del 92% con otras 2 secuencias, una de *T. pringlei* con clave de acceso AF413578 y con *T. filifolia* TAG-00007 con clave de acceso KC800424.

```
TTAGGTGGGTGTCCGCTGACCTGGGGTCGCGAACGAAGCATCATCAAAAGACAATGCATCAGGTTAAATTAAGAGG
TTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAG
GACTCCTATTTAGGCCAACTGCACCACATTAGCACAGGAGACCAGTCTCCGCCCTGCCACAAGCACCCCATATATAT
ATAGGGAGGCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCGACCGAATGGCTTCAGGCG
CAACTTGC GTTCAAAAAC TCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTACGTTCTTCAT
CGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTAACAAAAAGCCACATACAATGAGCACACCGCA
ATCGGGGCATCATGGCACAGGCCATTCTGTGTATACTTATCCTTGGCAGCGTGTGTGCCGGGGGTTGTTTGGCC
CACGTGAAGTCCATGACACCCCTATGGGGGAACACGAAAAAACGTGCGCTTGGGGCTACAAGGGCCCGTGTGGAG
CACCTATCTCCGCGGAAAAACCCCTTATTTAACCTGGTCCATTTGTTTTTGGGAAAGCAAATTTCCGCAACCC
ACCCCCCGGGGGGCCCCCTCGGAATTTTTGAAAAAAAAAAAAACAAAAAAAAGAA
```

Secuencia ITS obtenida del individuo *T. subulata*. TAG-00005.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected: 0

[Alignments](#) [Download](#) [GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#)

	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes subulata isolate TAG-00005 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S	1343	1343	96%	0.0	100%	KC800423.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicaefolia internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete seq	885	885	73%	0.0	96%	AF413580.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes pringlei internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: anc	763	763	71%	0.0	92%	AF413578.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes filifolia isolate TAG-00007 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ri	725	725	69%	0.0	92%	KC800424.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes filifolia 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,	737	737	74%	0.0	90%	DQ862118.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S r	664	664	67%	0.0	90%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ri	667	667	68%	0.0	90%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ri	688	688	70%	0.0	90%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes lucida internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete	717	717	75%	0.0	89%	AF374930.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 5 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal	732	732	77%	0.0	89%	KC800437.1

Comparación de la secuencia de *T. subulata*, TAG-00005 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes subulata isolate TAG-00005 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800423.1](#) Length: 727 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 727 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1343 bits(727)	0.0	727/727(100%)	0/727(0%)	Plus/Minus	
Query 1	TTAGGTGGGTGTC	CGCCTGACCTGGGGT	CGCGAACGAAGCATCATCAAAAGACAATGCAT	60	
Sbjct 727	TTAGGTGGGTGTC	CGCCTGACCTGGGGT	CGCGAACGAAGCATCATCAAAAGACAATGCAT	668	
Query 61	CAGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAAACACGAGACGACTATGTT	120			
Sbjct 667	CAGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGATAAGAGACACAAACACGAGACGACTATGTT	608			
Query 121	ACAAACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTGCACC	180			
Sbjct 607	ACAAACCACCACTAGTCGTGTATCCATCTTAAGAGGACTCCTATTTAGGCCAACTGCACC	548			
Query 181	ACATTAGCACAGGAGACCAGTCTCCGCCCTGCCACAAGCACCCCATATATATATAGGGAG	240			
Sbjct 547	ACATTAGCACAGGAGACCAGTCTCCGCCCTGCCACAAGCACCCCATATATATATAGGGAG	488			
Query 241	GCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCGACCGAATGGCT	300			
Sbjct 487	GCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCGACCGAATGGCT	428			
Query 301	TCAGGCGCAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAG	360			
Sbjct 427	TCAGGCGCAACTTGCCTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAG	368			
Query 361	TATCGCATTTTGCTACGTTCTTCAICGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTC	420			
Sbjct 367	TATCGCATTTTGCTACGTTCTTCAICGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTC	308			
Query 421	GTTTATGATTAACAAAAAGCCACATACAATGAGCACACCGCAATCGGGGCATCATGGCAC	480			
Sbjct 307	GTTTATGATTAACAAAAAGCCACATACAATGAGCACACCGCAATCGGGGCATCATGGCAC	248			
Query 481	AGGCCATTCTGTGTATACTTATCCTTGGCACGTGTGTGCGGGGGTGTGTTTTGCC	540			
Sbjct 247	AGGCCATTCTGTGTATACTTATCCTTGGCACGTGTGTGCGGGGGTGTGTTTTGCC	188			
Query 541	ACGTGAAGTCCATGACACCCCTATGGGGGAACACGAAAAACGTGGCTTGGGGCTACAA	600			
Sbjct 187	ACGTGAAGTCCATGACACCCCTATGGGGGAACACGAAAAACGTGGCTTGGGGCTACAA	128			
Query 601	GGGCCCGTGTGGAGCACCTATCTCCGCGGAAAAACCCCTTATTTAACCTGGTCCATT	660			
Sbjct 127	GGGCCCGTGTGGAGCACCTATCTCCGCGGAAAAACCCCTTATTTAACCTGGTCCATT	68			
Query 661	TGTTTTTGGGAAAGCAAATTTTCGGCAAACCCCCCCCCGGGGGGCCCCCTCGGAA	720			
Sbjct 67	TGTTTTTGGGAAAGCAAATTTTCGGCAAACCCCCCCCCGGGGGGCCCCCTCGGAA	8			
Query 721	TTTTTTG 727				
Sbjct 7	TTTTTTG 1				

Alineamiento de la secuencia de *T. subulata*, TAG-00005 con la secuencia de mayor similitud en BLAST (misma secuencia).

El individuo híbrido *T. coronopifolia* + *T. terniflora* A, TAGH-002 nos dio una secuencia de 728 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 80% con dos secuencias, una es *Tagetes* sp con clave de acceso KC800426 y la otra es *T. patula* TAG-00016 con clave de acceso KC800432.

```
TGGAGTCCGCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAGTTCTC
CCCATTTCGAGACACGACACACAACACGACAATATTACGTTACACCCCTACTCTAGCCTCGCATCCGTCTGTAATCTGA
CTTATTCTTACCCCAACCATGCCCTATGGGACGCCAGATTCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCGAATCGGG
AGTCGTGAAGTGGGCAACCTGATGCCTGACCCACGTGCCACCTGCCCTCAACCAAAAGGCTCCACTTGCAATTTG
CGTTCAAAGGTCCATGGTACTCGGCATTCTGCAATTCACACCACATATCGCATTTTTCTACGTTCTTCCTCGATGCG
AGATACGAGATGTCCATAGCCGATATTCATTTATGATTCCCCACAAACCACGAACACTACGCACACCGGGCACC GGG
CATCAATGCCCTATCCCTTCTATTTGTCTTTGCCCTTGTTACGTGTTGTGCCGGGGTTTGTGTGTC AACCTATTATC
CCTGATAGCCTCTGCCGCAACCATGAACCCACATCGGCCTAGGGCCAATAAAGATCGCACCATGATCCTTGCTCCTT
GCAGATGTTTGTGTTGTTACATGTTCAATCTTTCTGCTTTGCAAGGATGAACCATGATCCTTCTCCACGTTCCGGC
TACTTAAACCTATTTTTAATTCATAACTTCA
```

Secuencia ITS obtenida de *T. coronopifolia* + *T. terniflora* A. TAGH-002.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and intern:	514	514	95%	5e-142	80%	KC800428.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	497	497	95%	5e-137	80%	KC800432.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	475	475	95%	2e-130	79%	KC800426.1
<input type="checkbox"/> Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribc	473	473	94%	8e-130	79%	KC800434.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	379	379	96%	2e-101	77%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	374	374	94%	8e-100	77%	KC800425.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	370	370	95%	1e-98	76%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	342	342	87%	2e-90	77%	AF413577.1
<input type="checkbox"/> Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom;	337	337	95%	1e-88	76%	KC800431.1
<input type="checkbox"/> Tagetes minuta isolate TAG-00013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; and internal transcribed spacer 1, 5.8S ri	331	331	95%	5e-87	76%	KC800429.1

Comparación de la secuencia de *T. coronopifolia* + *T. terniflora* A, TAGH-002 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800432.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucl/121111111) Length: 703 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 6 to 703 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
497 bits(269)	5e-137	560/703(80%)	10/703(1%)	Plus/Minus	
Query	11	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAG			70
Sbjct	703	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAG			644
Query	71	GTTCTCCCC-ATTGAGACACGACACACAACACGACAATATTACGTTACA--CCCCTACT			127
Sbjct	643	GTTCTCCCCTCAT-GATTGAGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACT			585
Query	128	CTAGCCTCGCATCCGTCTGTAATCTGACTTTATTCTTACCCCAACCATGCCCTATGGGAC			187
Sbjct	584	-AATCGT-GCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACACGCCCTATGGGAC			527
Query	188	GCCAGATTCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCGAATCGGGAGTCGTGAAGTGGGCA			247
Sbjct	526	ACAGGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCCGAATCGGGAGTCATGATGTGGGCA			467
Query	248	ACCTGATGCCTGAC-CCCACGTGCC-ACCTGCCCTCAACAAAAGGCTCCACTTGCAATT			305
Sbjct	466	ACCAGATGCGTGACGCCA-G-GCAGACGTGCCCTCAACAAAAGGCTTCGGGCGCAACT			409
Query	306	TGCGTTCAAAGGTCCATGGTACTCGGCATTCTGCAATTCACACCACATATCGCATTTTT			365
Sbjct	408	TGCGTTCAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTTG			349
Query	366	CTACGTTCTTCCCTCGATGCGAGATACGAGATGTCCATAGCCGATATTCATTTATGATTCC			425
Sbjct	348	CTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCC			289
Query	426	CCACAAACCACGAACACTACGCACACCGGGCACCAGGGCATCAATGCCCTATCCCTTCTAT			485
Sbjct	288	AAAGAAGCCACGTACAATAAGCACACCGCAAACCGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTAT			229
Query	486	TGTCTCTTGCCTTGTACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACCTATTATCCCTG			545
Sbjct	228	GTATATTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATG			169
Query	546	ATAGCCTCTGCCGAACCATGAACCCACATCGGCCTAGGGCCAATAAAGATCGCACCATG			605
Sbjct	168	AAGGCCTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATG			109
Query	606	ATCCTTGCTCCTTGAGATGTTTGTGTTGTTACATGTTCAATCTTCTTTCTGCTTTGCA			665
Sbjct	108	AGCAACAATCCTTGATAGGCTTGTGTTGTTACATGTTCAAGTCAATCTTCTTTGCA			49
Query	666	AGGATGAACCATGATCCTTCTCCACGTTCCGCTACTTAAACCT		708	
Sbjct	48	GGGTTGACAAATGATCCTTCCGAGGTTACCTACGGAAACCT		6	

Alineamiento de la secuencia de *T. coronopifolia* + *T. terniflora* A, TAGH-002 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo híbrido *T. coronopifolia* + *T. terniflora* B, TAGH-003 nos dio una secuencia de 718 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 86% con 2 secuencias, una de *Tagetes* sp con clave de acceso KC800428 y la otra es *T. patula* TAG-00016 con clave de acceso KC800432. Mostró también similitud del 95% con las secuencias de *T. multiflora* TAG-00018 y *T. patula* TAG-00009 con claves de acceso KC800434 y KC800426 respectivamente.

```
TCGTGCAGTCCGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGATAAATTAAGAGGTT
CTCCCCTCACGAGTCACGACACACAACACGACACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAATA
GGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGACGCCAGAAGCCACTTTCCCCCAAACCACCCAAACCCGAACA
AGGGAGTGTGATGTGGGCAACCAGATGCCTGACCCACAGGCCAACTGCCCTCAACCAAAAGGCTTCCGGCGCAAC
TTGCGTTCCAAAATTCATGGGTTACGGGAATTCGCCATTACACCAAATTTTGAATTTCTTCTTCTTCTCGATG
CGAGAACCCAAATATCCATTGCCGAAAATCATTATGAATCCCAAAAAACACACCGCAAACCCGG
GGACCATGCCCCAGCCCTTTCATTTATAATTTGGCCTTGGCACGTGGTGGGCGGGGGTGTGTGTCAACCTAAT
GTCCCTGAAAGCCCTAAGGGAACCATGAACCCACATCGACCGGGGCCAACAAGGATCGAAGCATGATCAACAAT
TCTTGAGAAGCTGGTTGTGTTACTGTTTCATAGGCATTGCTTTCAGGTTAACAATGATCCGCCGAGTTCCTACT
AACAGTACATTTAACTTCAA
```

Secuencia ITS obtenida de *T. coronopifolia* + *T. terniflora* B. TAGH-003.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and intern...	736	736	94%	0.0	86%	KC800428.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso...	712	712	94%	0.0	86%	KC800432.1
<input type="checkbox"/> Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo...	688	688	93%	0.0	85%	KC800434.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso...	689	689	94%	0.0	85%	KC800426.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00008 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso...	632	632	94%	1e-177	84%	KC800425.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1,...	621	621	94%	3e-174	83%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, a...	628	628	94%	2e-176	83%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and...	627	627	95%	6e-176	83%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA...	623	623	95%	7e-175	83%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA...	623	623	95%	7e-175	83%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte...	575	575	88%	2e-160	83%	AF413577.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor...	616	616	95%	1e-172	83%	KC800422.1

Comparación de la secuencia de *T. coronopifolia* + *T. terniflora* B, TAGH-003 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|KC800432.1 Length: 703 Number of Matches: 1

[Related Information](#)

Range 1: 14 to 703 [GenBank](#) [Graphics](#) ▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
712 bits(385)	0.0	594/694(86%)	17/694(2%)	Plus/Minus
Query 14	CTGACCTGGGGT	CGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG	73	
Sbjct 703	CTGACCTGGGGT	CGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGATAAAATTAAGAG	644	
Query 74	GTTCTCCCTC	CACGAGTACGACACACAACACGACACGACTATGTTACAAACCACCACTA	133	
Sbjct 643	GTTCTCCCTC	CATGATCAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA	584	
Query 134	GTCGTGCATCCATCTTTAATAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGACGCC	193		
Sbjct 583	ATCGTGCATCCATCTTTGAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCCACGCCCTATGGGACACA	524		
Query 194	AGAAGCCACTTTCCGCCAAACCACCCAAACCCGAACAAGGGAGT-GTGATGTGGGCAAC	252		
Sbjct 523	GGAGGCCACTTTCCGCCAAACAAACGAAACCACAAACA-GGGAGTCATGATGTGGGCAAC	465		
Query 253	CAGATGCCTGACCCACAGGCCAAC-TGCCCTCAACCAAAGGCTTCCGGCGCAACTGC	311		
Sbjct 464	CAGATGCCTGACGCC-CAGGCAGACGTGCCCTCAACCAAAGGCTTCCGGCGCAACTGC	406		
Query 312	GTTCCAAACTTCATGGGTACGGGAATTC-GCCATTACACCAAATTTTGAATTTTCT	370		
Sbjct 405	GTTCCAAACTCGATGGTTCACGGGA-TTCTGCAATTACACCAAGTATCGCATTTTGCT	347		
Query 371	TCCTTCTCCTCGATGCGAGAACCCAAATATCCATTGCCGAAATCATTATGAATCCCA	430		
Sbjct 346	ACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAA	287		
Query 431	AAAAACCACGTACAAAAACACACCCGAAACCGGGGCACCA-TGCCCCAGCCCTTTCATT	489		
Sbjct 286	AGAAGCCACGTACAATAAGCACACCGCAAAC-GGGGCATCATTGCACGAGCCCTTCTATG	228		
Query 490	TATAATTGGCCTTGGCAGTGGTGGGCCGGGGGTTGTTGTGTCAACCTAATGTCCCTGA	549		
Sbjct 227	TATATTTGTCCTTGGCAGTGTGTGGCCGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTCCATGA	168		
Query 550	AAGCCCTAAGGGAACCATGAACCCACATCGACCGGGGGCCAACAAGGATCGAAGCATGA	609		
Sbjct 167	AGGCCTATAAGGCAACCATGAACACACATCGACAGGGGGCCTAGAAGGATCGCAGCATGA	108		
Query 610	TCAACAATTCTTGCAAGCTGGTTGT-GTTAC-TGTTCAIAGG-CATT-TGCTTTGCAG	665		
Sbjct 107	GCAACAATCCTTGCAIAGGCTGTGTTGTTTACATGTTCAACAAGTCATTCTGCTTTGCAG	48		
Query 666	G-TTA-ACAATGATCCG-CCGCAG-TTCAC-IAC	694		
Sbjct 47	GGTTGCACAATGATCCTCCGCAGGTTACCTAC	14		

Alineamiento de la secuencia de *T. coronopifolia* + *T. terniflora* B, TAGH-003 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo híbrido *T. lemmonii* + *T. terniflora* A. TAGH-005, nos dio una secuencia de 735 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 92% con una secuencia de *T. palmeri* con clave de acceso AF413577. También mostró similitud del 91% con *T. parryi* TAG-00010 y *T. parryi* TAG-00004, con claves de acceso KC800427 Y KC800422 respectivamente, y que fueron mencionadas previamente como producto de este trabajo.

```
ACCTGGTAGTCCGCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATTAAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGTT
CTCCCCTCACGAGTAACGACACACAACACAAGACGACTATGTTACAAAACCACTAGTCTTGCATCCATCTTTACTA
GGACTCTAATTTTACGCCAACCATGCCCTATGGGGCACAGGATGCCACTTTCGCCCCAACACACAAAACCCGAATA
GGGAGTAATGGTGTGGGATAACAAGATGCCTGACGCCAAGGCACACCTGCCCTCAGCCGGATGGCTTCGGGCGCAA
CTTGCGTTCAAAAACCTCCATGGTTACGGGATTCTGCAATTCACACCAAATATCGCATTTTGTACGTTCTTCTCGAT
GCCTGAGCCAGATATCCATTGCCGATAGTCATTTATGACTCCCAACAAACCACATACAATGAGCACACCCGCACACG
GGGCATCATGGCCCGGGCCCTTCTATGTATACTTTGCTCTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAATATA
ATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACAAACATCGACCAAGGCCTACAAAGATATAAGCATAAACCAACAAT
CCTTGCAAAGCCTTGTGTTGTTACATGTTCAATTCATTCTGCTTTGCAAGTTCAACAATGATCCTTCCCACGTT
CACCTACTGAAACCTGTTTTATTTTAAAAATTCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida de *T. lemmonii* + *T. terniflora* A. TAGH-005.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results							
	Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/>	Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	907	907	87%	0.0	92%	AF413577.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	965	965	95%	0.0	91%	KC800427.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	977	977	96%	0.0	91%	KC800422.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	928	928	94%	0.0	91%	KC800433.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene	929	929	96%	0.0	90%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, ai	902	902	93%	0.0	90%	GU818722.1
<input type="checkbox"/>	Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,	905	905	94%	0.0	90%	KC800436.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	917	917	96%	0.0	90%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	913	913	96%	0.0	90%	KC800439.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	909	909	96%	0.0	90%	KC800438.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	826	826	87%	0.0	90%	AF413575.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboc	845	845	94%	0.0	89%	KC800434.1
<input type="checkbox"/>	Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	852	852	95%	0.0	89%	KC800432.1

Comparación de la secuencia de *T. lemmonii* + *T. terniflora* A. TAGH-005 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

Sequence ID: [gb|AF413577.1](#) Length: 644 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 3 to 644 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
907 bits(491)	0.0	596/647(92%)	6/647(0%)	Plus/Minus	
Query 30	GATCGAAGCATCATTAAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCACGA				89
Sbjct 644	GATCGAAGCATCATCAAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGA				585
Query 90	GTAACGACACACAACACAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCTTGCATCCATCT				149
Sbjct 584	GTAG-GACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCT				526
Query 150	TTACTAGGACTCTAATTTTACGCCAACCATGCCCTATGGGGCACAGGATGCCACTTTCCG				209
Sbjct 525	TTAAGAGGACTCTAGATTTAGGCCAACCAT-C--TAT-GGGCACAGGAAGCCACTTTCCG				470
Query 210	CCCCAACACACAAAACCCGAATAGGGAGTAATGGTGTGGGATACAAGATGCCTGACGCCA				269
Sbjct 469	CCCCAACACACAAAACCCAAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCC				410
Query 270	AGGCACACCTGCCCTCAGCCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAACTCCATGG				329
Sbjct 409	AGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAACTCGATGG				350
Query 330	TTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAATAATCGCATTTTGCTACGTTCTTCTCGATGG				389
Sbjct 349	TTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCTCGATGG				290
Query 390	TGAGCCCAGATATCCATTGCCGATAGTCATTTATGACTCCCAACAAACCACATACAATGA				449
Sbjct 289	TGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATGA				230
Query 450	GCACACCGCACACGGGGCATCATGGCCCGGGCCCTTCTATGTATACTTTGTCCTTGGCAC				509
Sbjct 229	GCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCACGGGGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCTTGGCAC				170
Query 510	GTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAATATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCA-ACCA				568
Sbjct 169	GTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCATAACCA				110
Query 569	TGAACAAACATCGACCAAGGCCTACAAGATATAAGCATAAACCAACAATCCTTGCAAAG				628
Sbjct 109	TGAACAAACATCGACAAGGCCTACAAGGATAGAAGCATAAGCAACAATCCTTGCAAAG				50
Query 629	CCTTGTTGTTGTTACATGTTTACCAATTCATTCTGCTTTGCAAGGTTC 675				
Sbjct 49	CCAIGTTGTTGTTACATGTTTACCAAGTTCATTCTGCTTTGCAAGGTTC 3				

Alineamiento de la secuencia de *T. lemmonii* + *T. terniflora* A. TAGH-005 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo híbrido *T. lemmonii* + *T. terniflora* B, TAGH-006 nos dio una secuencia de 733 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 97% con la secuencia de *T. palmeri* con clave de acceso AF413577. Mostró también una similitud del 96% con 3 secuencias distintas, que corresponden a *T. parryi* TAG-00010 y *T. parryi* TAG-00004, con claves de acceso KC800427 Y KC800422 respectivamente, y con *T. moorei* TAG-00017 con clave de acceso KC800433. Estas 3 secuencias fueron producto de esta tesis.

```
TCGGGAGTCCGCCTGACCTGGGGTCCGGATCGAAGCATCATTAAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGTTCT
CCCCTCACGAATAAGGACACACAACAACAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAG
GACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGCACAGGAGGCCACTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAG
GGAGTAATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGAAGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGGCGCAAC
TTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTGCTACGTTCTTCATCGAT
CGTGAGCCGAGATATCCATTGCCGAGAGTCGTTTATGACTCCCAAGAAGCCACATACAATGAGCACACCGCAAAACG
GGGCATCATGGCACGGGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCATATA
ATGTCCAAGAAAGCCATAGGGCAACCATGAACAAACATCGACCAGGGCCTACAAGGATAGAAGCATAAGCCAACAA
TCCTTGCAAAGCCATGTTGTTGTTACATGTTCAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGG
TTCACCTACGGAACCTTGTTTCCATTTTTAAAATTCAA
```

Secuencia ITS obtenida de *T. lemmonii* + *T. terniflora* B. TAGH-006.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and inte	1072	1072	88%	0.0	97%	AF413577.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1147	1147	95%	0.0	96%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosor	1157	1157	97%	0.0	96%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosc	1116	1116	94%	0.0	96%	KC800433.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,	1094	1094	94%	0.0	95%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene	1110	1110	97%	0.0	95%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1098	1098	96%	0.0	95%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA	1098	1098	96%	0.0	95%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and	1103	1103	97%	0.0	95%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, ai	1075	1075	94%	0.0	94%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and interi	990	990	88%	0.0	94%	AF413575.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	1037	1037	95%	0.0	93%	KC800432.1
<input type="checkbox"/> Tagetes multiflora isolate TAG-00018 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribc	1018	1018	94%	0.0	93%	KC800434.1

Comparación de la secuencia de *T. lemmonii* + *T. terniflora* B, TAGH-006 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal transcribed spacer 2, partial sequence

Sequence ID: [gb|AF413577.1](#) Length: 644 Number of Matches: 1

[Related Information](#)

Range 1: 1 to 644 [GenBank](#) [Graphics](#)

▼ Next Match ▲ Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1072 bits(580)	0.0	627/649(97%)	6/649(0%)	Plus/Minus
Query 28	GATCGAAGCATCATTAAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCACGA	87		
Sbjct 644	GATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGTTCTCCCCTCAAGA	585		
Query 88	ATAAGGACACACAACACAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCT	147		
Sbjct 584	GTA-GGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCT	526		
Query 148	TTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGCACAGGAGGCCACTTTCCG	207		
Sbjct 525	TTAAGAGGACTCTAGATTTAGGCCAACCAT---CTAT-GGGCACAGGAAGGCCACTTTCCG	470		
Query 208	CCCCAACACACAAAACCCAAATAGGGAGTAAATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCC	267		
Sbjct 469	CCCCAACACACAAAACCCAAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCC	410		
Query 268	AGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAACTCGATGG	327		
Sbjct 409	AGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTGCGTTCAAAACTCGATGG	350		
Query 328	TTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCG	387		
Sbjct 349	TTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATCGATGCG	290		
Query 388	TGAGCCGAGATATCCATTGCCGAGAGTCGTTTATGACTCCCAAGAAGCCACATACAATGA	447		
Sbjct 289	TGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTCCAAAGAAGCCACGTACAATGA	230		
Query 448	GCACACCGCAAACGGGGCAICATGGCACGGGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCTTGGCAC	507		
Sbjct 229	GCACACCGCAAACGGGGCAICATGGCACGGGCCCTTCTAIGTATAGTTTGTCTTGGCAC	170		
Query 508	GTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAATATAATGTCCAAGAAAGCCCATAGGGCA-ACCA	566		
Sbjct 169	GTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCATAACCA	110		
Query 567	TGAACAAACATCGACCAGGGCCTACAAGGATAGAAGCATAAGCCAAACAATCCTTGCAAAG	626		
Sbjct 109	TGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATAGAAGCATAAGCCAAACAATCCTTGCAAAG	50		
Query 627	CCATGTTGTTGTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGA 675			
Sbjct 49	CCATGTTGTTGTTACATGTTTACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGTTCGA 1			

Alineamiento de la secuencia de *T. lemmonii* + *T. terniflora* B, TAGH-006 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo híbrido *T. terniflora* + *T. lemmonii*. TAGH-004 nos dio una secuencia de 731 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% con una secuencia de *T. laxa* TAG-00015 con clave de acceso KC800431. También mostro una similitud del 98% con la secuencia de *T. minuta* TAG-00013 con clave de acceso KC800429.

```
CGGGTAGGTCTAACCTGACCTGGGGTTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTTAAAATAAGAGGTT
CTCAAGATTCAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGCCGTGCATCCACTCTGAGAGGACT
CTAATTTTAGGCCAACCATGCCATTGAGCACAGGAGGCCACTTTCCGCCAAACACACACAACCCAAATAAGGAGT
CATGGTGTGGGGAAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGGCGCAACTTGCG
TTCAAAAACTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGTACGTTCTTCATCGATGCGTG
AGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTTATTCCAAAGAAGCCACATACAATGAGCACACCACAAAACGGGGCA
TCATGGCAGGAGCCCTTCTATGTATAGTTTGCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTTTGTCAACATAATATCC
ATGAACACCAATATGGCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCCTT
GCAAAGCTATGTTGTTGTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTTAC
CTACGGAAACCTTGTTACGATTTTTTTACCTTCCAAA
```

Secuencia ITS obtenida de *T. terniflora* + *T. lemmonii*. TAGH-004.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	1288	1288	95%	0.0	100%	KC800431.1
<input type="checkbox"/> Tagetes minuta isolate TAG-00013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: and internal transcribed spacer 1, 5.8S	1182	1182	94%	0.0	98%	KC800429.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 3 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1146	1146	94%	0.0	97%	KC800430.1
<input type="checkbox"/> Tagetes campanulata internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: a	1101	1101	87%	0.0	98%	AF413574.1
<input type="checkbox"/> Vilobia praetermissa internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: an	1077	1077	87%	0.0	97%	AF413581.1
<input type="checkbox"/> Tagetes minuta internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte	1074	1074	87%	0.0	97%	AF413576.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	990	990	97%	0.0	92%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	979	979	94%	0.0	92%	KC800433.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	977	977	95%	0.0	92%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger	966	966	97%	0.0	91%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	955	955	95%	0.0	91%	KC800432.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	950	950	95%	0.0	91%	KC800426.1

Comparación de la secuencia de *T. terniflora* + *T. lemmonii*. TAGH-004 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes laxa isolate TAG-00015 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800431.1](#) Length: 697 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 697 GenBank Graphics					▼ Next Match ▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1288 bits(697)	0.0	697/697(100%)	0/697(0%)	Plus/Minus	
Query	15	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTAAAATAAGAG			74
Sbjct	697	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCAAAGACAATGCACCGGGTAAAATAAGAG			638
Query	75	GTTCTCAAGATTCAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCCTAGCCGT			134
Sbjct	637	GTTCTCAAGATTCAGGAGACACGACAGAAGACGACTATGTTACAAACCACCCTAGCCGT			578
Query	135	GCATCCACTCTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCATGAGCACAGGAGGCC			194
Sbjct	577	GCATCCACTCTGAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCATGAGCACAGGAGGCC			518
Query	195	ACTTTCGCCCCAAACACACACAACCCAAATAAGGAGTCATGGTGTGGGGAACAAGATGCG			254
Sbjct	517	ACTTTCGCCCCAAACACACACAACCCAAATAAGGAGTCATGGTGTGGGGAACAAGATGCG			458
Query	255	TGACGCCCAGGCAGACGTCGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCCTTCAAAAA			314
Sbjct	457	TGACGCCCAGGCAGACGTCGCCCTCAACCGAATGGCTTCGGGCGCAACTTGCCTTCAAAAA			398
Query	315	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA			374
Sbjct	397	CTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCA			338
Query	375	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTATTCCAAGAAGCCACA			434
Sbjct	337	TCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTTTTATTCCAAGAAGCCACA			278
Query	435	TACAAATGAGCACACCACAAACGGGGCATCATGGCAGAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTG			494
Sbjct	277	TACAAATGAGCACACCACAAACGGGGCATCATGGCAGAGCCCTTCTATGTATAGTTTGTG			218
Query	495	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTTGTCAACATAATATCCATGAACACCAATATG			554
Sbjct	217	CTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTGTGTTTGTCAACATAATATCCATGAACACCAATATG			158
Query	555	GCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCC			614
Sbjct	157	GCAGGCCATGAACACACATCGACAAGGGGCCTACAAGGATTGAAACATATGCAACAATCC			98
Query	615	TTGCAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTCAGGGTTCGACAA			674
Sbjct	97	TTGCAAAGCTATGTTGTTGTTACATGTTCACTAGTTGATCTGCTTTCAGGGTTCGACAA			38
Query	675	TGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	711		
Sbjct	37	TGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA	1		

Alineamiento de la secuencia de *T. terniflora* + *T. lemmonii*. TAGH-004 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo híbrido *T. coronopifolia* + *T. parryi* A. TAGH-007 dio una secuencia de 737 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% con 2 secuencias de *Tagetes sp.*, con claves de acceso KC800439 y KC800438, mostro también una similitud del 99% con una secuencia de *T. patula* con clave de acceso DQ862121 y con otra de *Adenopappus persicifolius* TAG-00028 con clave de acceso KC800436. Esta última secuencia fue producto de este trabajo y también fue admitida en Genbank.

```
TTCGTGGAGTCCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAAATTAAGAGGT
TTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAG
AGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTATGGGGGCACAGGAGGCCACTTCCGCCCATCACACAAAACCCAAA
GAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGC
AACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTACGTTCTTCATC
GATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGATTCCAAAGTAGCCACGTACAATGAGCACACCCGCAA
ACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTTCTATGTATAGTTTGTCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAAC
ATAATGTCCATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACATAACATCGACAGTGCCCAACAAGGATCGATGCATGAGCAAA
CAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGTTCATTCTGCTTGCAGGGTTCGACAATGATCCTCCGC
AGGTTACCTACGGAAACCTGTTACGATTTTACTTCCAAAA
```

Secuencia ITS obtenida de *T. coronopifolia* + *T. parryi* A. TAGH-007.

Sequences producing significant alignments:

Select: [All](#) [None](#) Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results						
Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1317	1317	96%	0.0	100%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	1314	1314	96%	0.0	100%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an	1312	1312	96%	0.0	99%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1	1279	1279	94%	0.0	99%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,	1242	1242	93%	0.0	99%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. DH-2012 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ge	1216	1216	94%	0.0	98%	JX867645.1
<input type="checkbox"/> Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte	1170	1170	88%	0.0	99%	AF413575.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger	1140	1140	96%	0.0	96%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1138	1138	97%	0.0	95%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1118	1118	95%	0.0	95%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1092	1092	94%	0.0	95%	KC800433.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1027	1027	95%	0.0	93%	KC800432.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00009 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	1022	1022	95%	0.0	93%	KC800426.1

Comparación de la secuencia de *T. foetidissima*, TAG-00023 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: gb|DQ862121.1 Length: 738 Number of Matches: 1

					Related Information
Range 1: 1 to 713		GenBank	Graphics	▼ Next Match ▲ Previous Match	
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1312 bits(710)	0.0	712/713(99%)	0/713(0%)	Plus/Minus	
Query	8	AGTCCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAA			67
Sbjct	713	AGTCCAGCCTGACCTGGGGTCGCGATCGAAACATCATCAAAGACAATGCACAGGGGTAA			654
Query	68	ATTAAGAGGTTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAAC			127
Sbjct	653	ATTAAGAGGTTTTCCACTCAAGAGTAAGGAAACACAACACGAGACGACTATGTTACAAAC			594
Query	128	CACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTAT			187
Sbjct	593	CACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTATTTTTAGGCCAACCATGCCCTAT			534
Query	188	GGGGGCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCATCACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTG			247
Sbjct	533	GGGGGCACAGGAGGCCACTTTCCGCCCATCACACAAAACCCAAAGAGGGAGTCATGGTG			474
Query	248	TGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGC			307
Sbjct	473	TGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGC			414
Query	308	AACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCAT			367
Sbjct	413	AACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTCACGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCAT			354
Query	368	TTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGA			427
Sbjct	353	TTTGCTACGTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTCATGA			294
Query	428	TTCCAAAGTAGCCACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTT			487
Sbjct	293	TTCCAAAGTAGCCACGTACAATGAGCACACCGCAAACGGGGCATCACGGCACAGGCCCTT			234
Query	488	CTATGTATAGTTTGTCCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTC			547
Sbjct	233	CTATGTATAGTTTGTCCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTATGTCAACATAATGTC			174
Query	548	CATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGC			607
Sbjct	173	CATGAAAGCCCATAGGGCAACCATGAACTAACATCGACAGTGGCCAACAAGGATCGATGC			114
Query	608	ATGAGCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTT			667
Sbjct	113	ATGAGCAAACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAGGTCATTCTGCTT			54
Query	668	TGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC			720
Sbjct	53	TGCAGGGTTCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTAC			1

Alineamiento de la secuencia de *T. coronopifolia* + *T. parryi* A. TAGH-007 con la secuencia de mayor similitud en BLAST.

El individuo híbrido *T. coronopifolia* + *T. parryi* B. TAGH-008 nos dio una secuencia de 733 pares de bases. Al introducirla en el programa BLAST, mostró una similitud del 100% con una secuencia de *T. parryi* TAG-00010 con clave de acceso KC800427. También mostro una similitud del 99% con la secuencia de *T. parryi* TAG-00004 con clave de acceso KC800422. Estas 2 secuencias de *T. parryi* son producto de este trabajo y también fueron admitidas en Genbank.

```
ATCTGGCAGTCCAGACTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAGGT
TCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTAGTCGTGCATCCATCTTTAAG
AGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCCATGAGGCACGGGAGGCCACTTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAA
TAGGGAGTCATGGTGTGGGCAACAAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGGCGC
AACTTGCGTTCAAAAACCTCGATGGTTACGGGATTCTGCAATTACACCAAGTATCGCATTTTGTACGTTCTTCATC
GATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAGAAGCCACGTACAGTGAGCACACCGCAA
ACGGGGCATCATGGCAGCGGCCCTTCTATGTATAGTTTTTCCTTGCCACGTGTTGTGCCGGGGGTTGTTGTGTCAAC
ATAATGTCCATGAAAGCACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGCAAA
CAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTTTCAGGGTTTCGACAATGATCCTTCCGC
AGGTTCACTACGGAAACCTTGTTACGACTTTTTACTTC
```

Secuencia ITS obtenida de *T. coronopifolia* + *T. parryi* B. TAGH-008.

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos...	1301	1301	96%	0.0	100%	KC800427.1
<input type="checkbox"/> Tagetes parryi isolate TAG-00004 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos...	1319	1319	97%	0.0	99%	KC800422.1
<input type="checkbox"/> Tagetes moorei isolate TAG-00017 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos...	1219	1219	95%	0.0	98%	KC800433.1
<input type="checkbox"/> Tagetes palmeri internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and int...	1072	1072	88%	0.0	97%	AF413577.1
<input type="checkbox"/> Tagetes foetidissima 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA ger...	1131	1131	96%	0.0	96%	DQ862119.1
<input type="checkbox"/> Adenopappus persicifolius isolate TAG-00028 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1	1118	1118	95%	0.0	96%	KC800436.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 2 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN...	1131	1131	97%	0.0	95%	KC800439.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN...	1125	1125	96%	0.0	95%	KC800438.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, an...	1123	1123	97%	0.0	95%	DQ862121.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 1150 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene...	1092	1092	94%	0.0	95%	GU818722.1
<input type="checkbox"/> Tagetes erecta internal transcribed spacer 1, partial sequence: 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence: and inte...	1014	1014	88%	0.0	95%	AF413575.1
<input type="checkbox"/> Tagetes patula isolate TAG-00016 18S ribosomal RNA gene, partial sequence: internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos...	1044	1044	96%	0.0	93%	KC800432.1
<input type="checkbox"/> Tagetes sp. 4 JACM-2013 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and interr...	1042	1042	96%	0.0	93%	KC800428.1

Comparación de la secuencia de *T. coronopifolia* + *T. parryi* B. TAGH-008 con otras secuencias, en el programa BLAST.

Tagetes parryi isolate TAG-00010 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence

Sequence ID: [gb|KC800427.1](#) Length: 704 Number of Matches: 1

[Related Information](#)

Range 1: 1 to 704		GenBank	Graphics	▼ Next Match	▲ Previous Match
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1301 bits(704)	0.0	704/704(100%)	0/704(0%)	Plus/Minus	
Query	16	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAG			75
Sbjct	704	CTGACCTGGGGTCGCGATCGAAGCATCATCATAAGACAATGCACCGGGTTAAATTAAGAG			645
Query	76	GTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			135
Sbjct	644	GTTCTCCCCTCAAGAGTAAGGACACACAACACGAGACGACTATGTTACAAACCACCACTA			585
Query	136	GTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCAC			195
Sbjct	584	GTCGTGCATCCATCTTTAAGAGGACTCTAATTTTAGGCCAACCATGCCCTATGAGGCAC			525
Query	196	GGGAGGCCACTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCAAC			255
Sbjct	524	GGGAGGCCACTTCCGCCCAACACACAAAACCCAAATAGGGAGTCATGGTGTGGGCAAC			465
Query	256	AAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTTGGC			315
Sbjct	464	AAGATGCGTGACGCCAGGCAGACGTGCCCTCAACCGGATGGCTTCGGGCGCAACTTGGC			405
Query	316	TTCAAAAACCTCGATGGTTACAGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTAC			375
Sbjct	404	TTCAAAAACCTCGATGGTTACAGGGATTCTGCAATTCACACCAAGTATCGCATTTTGCTAC			345
Query	376	GTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAG			435
Sbjct	344	GTTCTTCATCGATGCGTGAGCCGAGATATCCGTTGCCGAGAGTCGTTTATGATTTCAAAG			285
Query	436	AAGCCACGTACAGTGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCACGGGCCCTTCTATGTAT			495
Sbjct	284	AAGCCACGTACAGTGAGCACACCGCAAACGGGGCATCATGGCACGGGCCCTTCTATGTAT			225
Query	496	AGTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAAG			555
Sbjct	224	AGTTTTTCCTTGGCACGTGTTGTGCCGGGGTTGTTGTGTCAACATAATGTCCATGAAAG			165
Query	556	CACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGCAA			615
Sbjct	164	CACAAAAGGCAACCATGAACAAACATCGACAAGGGCCTACAAGGATCAAAGCATAAGCAA			105
Query	616	ACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGT			675
Sbjct	104	ACAATCCTTGCAAAGCCGTGTTGTTGTTACAAGTTCACAAGTCATTCTGCTTTGCAGGGT			45
Query	676	TCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA			719
Sbjct	44	TCGACAATGATCCTTCCGCAGGTTACCTACGGAAACCTTGTTA			1

Alineamiento de la secuencia de *T. coronopifolia* + *T. parryi* B. TAGH-008 con la secuencia de mayor similitud.