



Fig. 7. Resultados del análisis filogenético de secuencias del gen IRBP. Árbol de consenso por la mayoría obtenido en el análisis Bayesiano. Los números indican la probabilidad a posteriori (izquierda de la diagonal) y valores de Bootstrap del análisis de máxima verosimilitud (derecha de la diagonal) de los nodos adyacentes. Solo se muestran valores de Bootstrap mayores a 50 %. Un “-” indica que el nodo en cuestión no fue recobrado en el análisis de máxima verosimilitud (ln=-9821.7424).