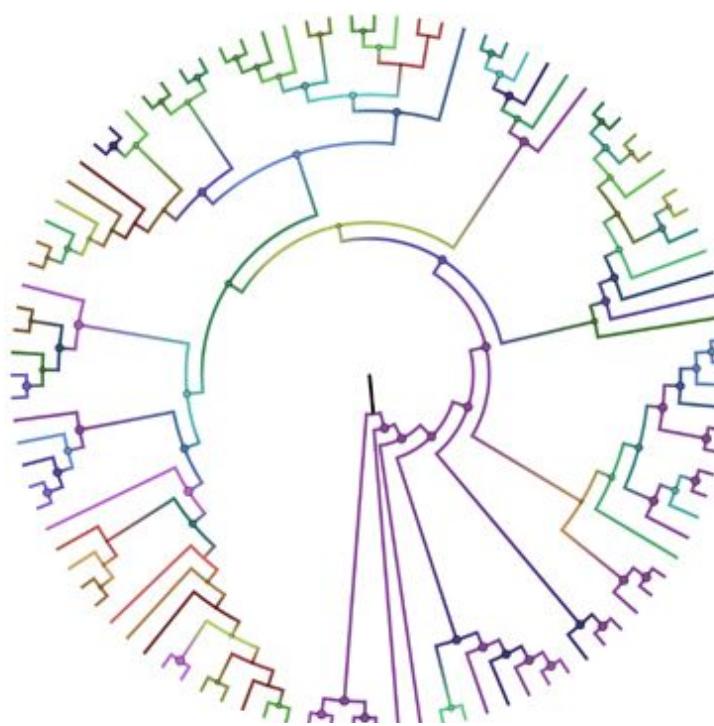


SISTEMÁTICA BIOLÓGICA

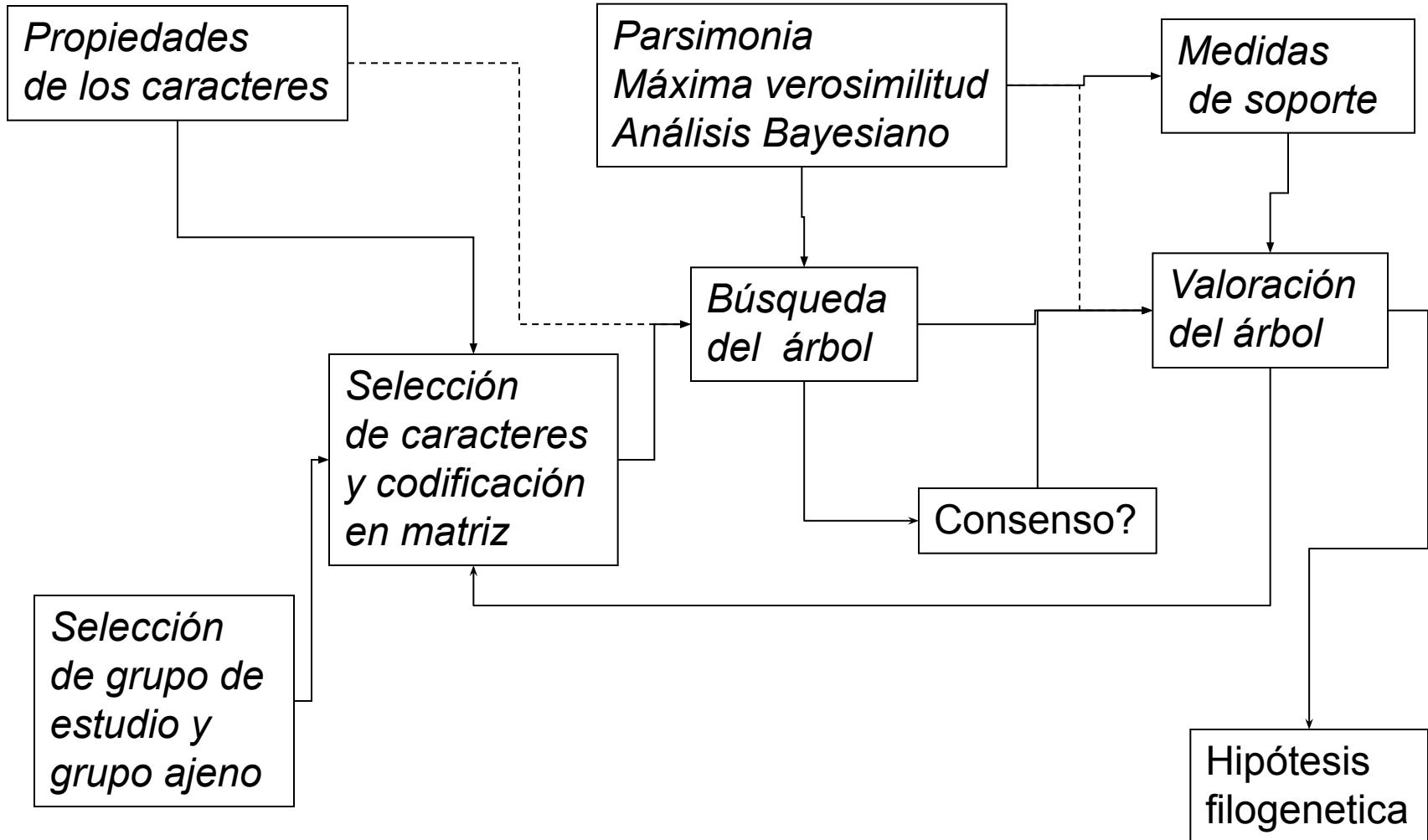
MÉTODOS DE INFERENCIA FILOGENÉTICA



Julián Aguirre-Santoro
Instituto de Ciencias Naturales
Universidad Nacional de Colombia

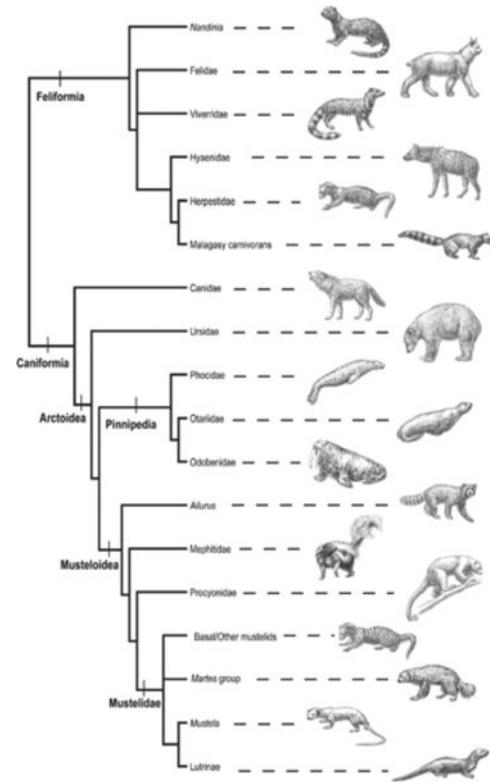


ESTRUCTURA BÁSICA DE UN ESTUDIO FILOGENÉTICO





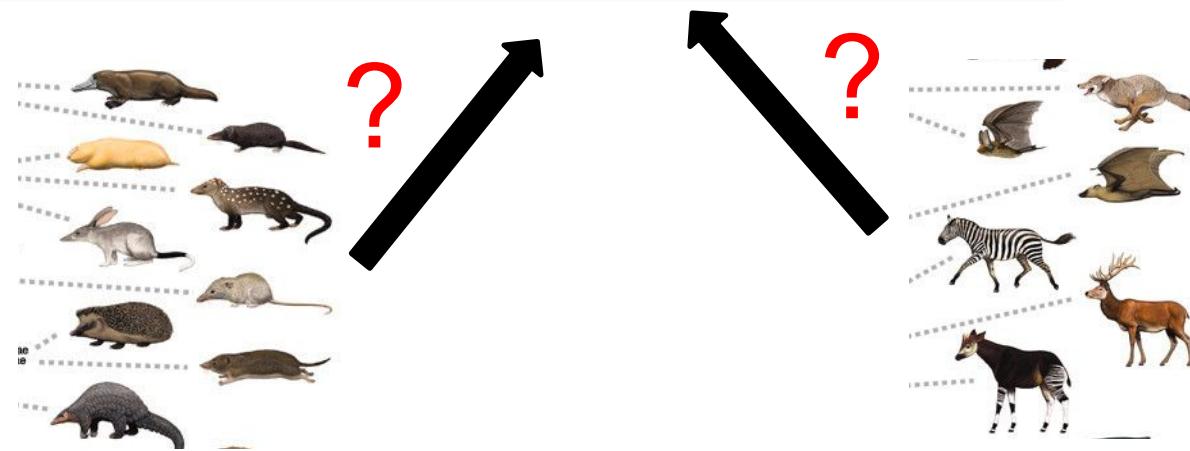
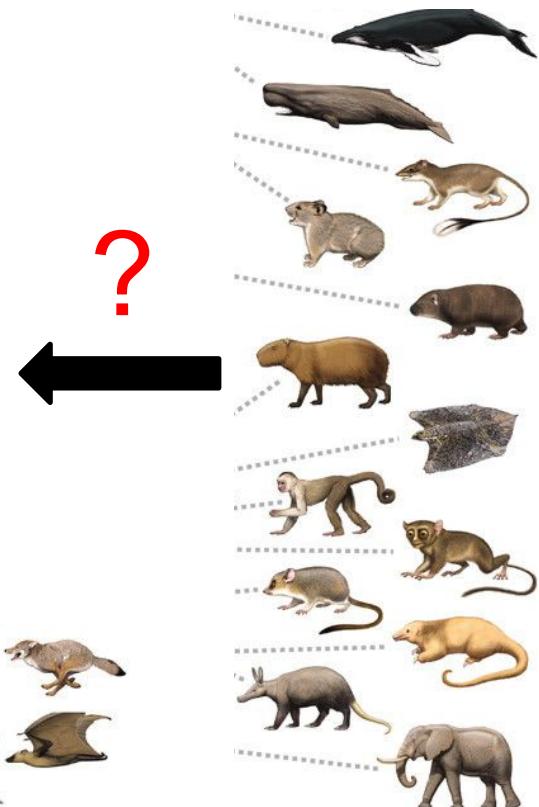
Hipótesis filogenética

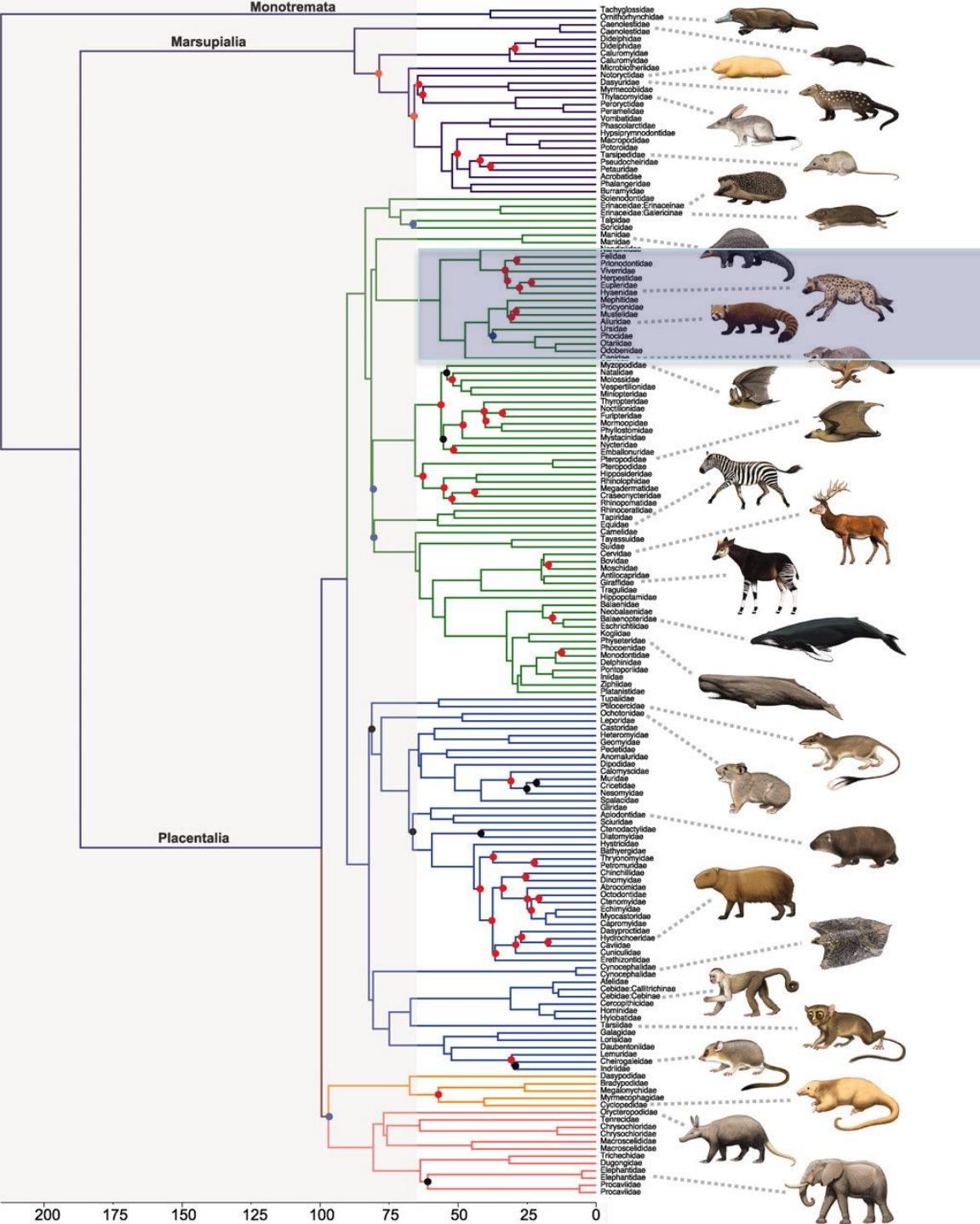


	1 (4)	2 (21)	3 (32)	4 (45)	5 (52)	6 (54)	7 (56)	8 -	9 (59)	10 (60)	11 (61)	12 (62)	13 (40)	14 (50)	15 (51)	16 (1)	17 (2)	18 (3)	19 (24)	20 (26)
Outgroup	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cat	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0
Hyena	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0
Civet	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
Dog	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Raccoon	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
Bear	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
Other	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0
Seal	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	?	0	1	1
Walrus	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1
Sea lion	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1

I. OBJETIVO: Monofilia

Hipótesis alternativa: El orden Carnivora NO es monofilético





Carnivora

Grupo propio: Mamíferos
(excepto Monotrema)



Grupo ajeno: Monotrema

EJEMPLO CON ORDEN CARNIVORA

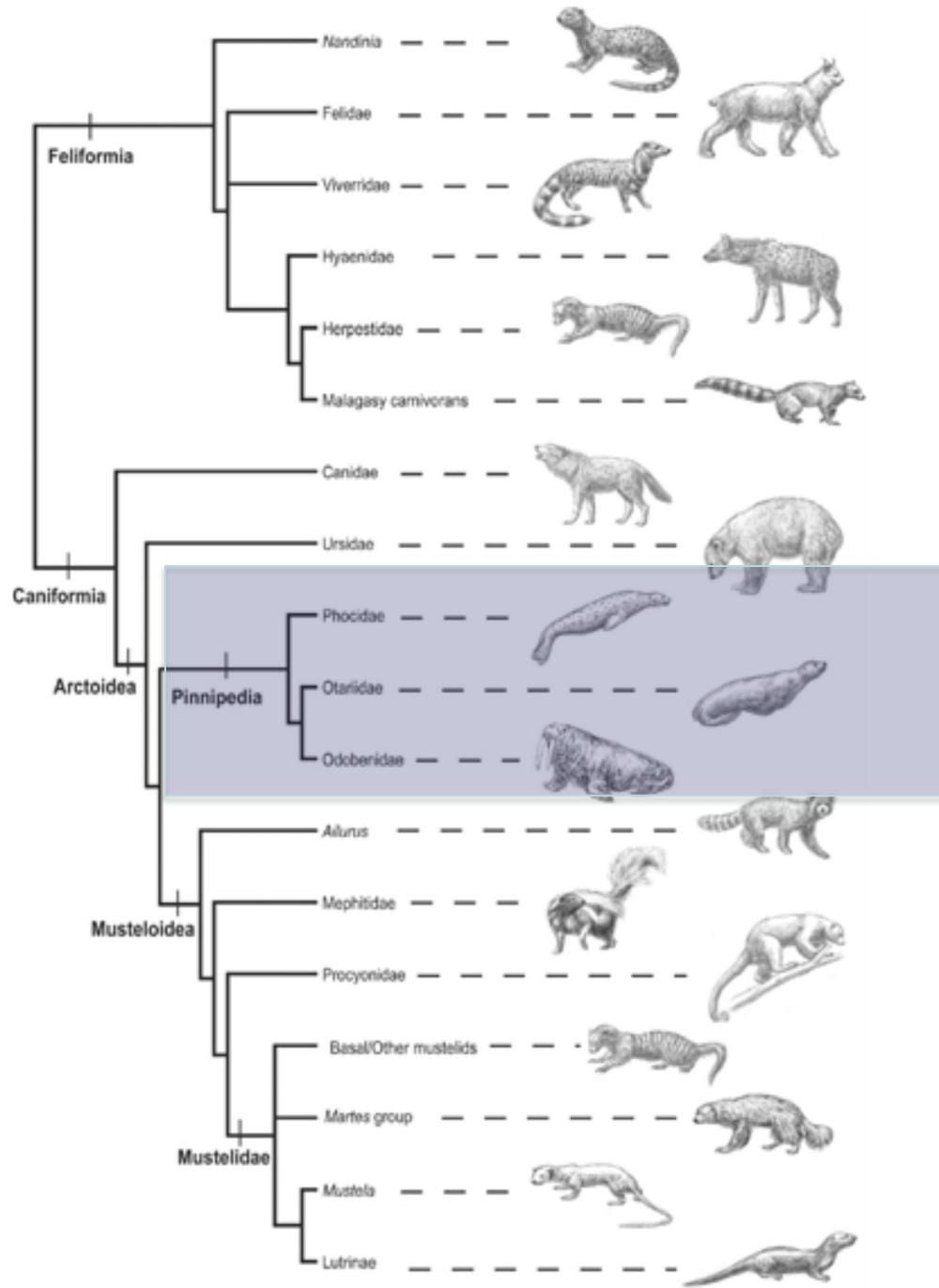
I. OBJETIVO: Monofilia

Hipótesis: Los Pinnipedos son monofiléticos



Grupo ajeno: Topo





Grupo propio: Carnívora

EJEMPLO CON CARNIVORA

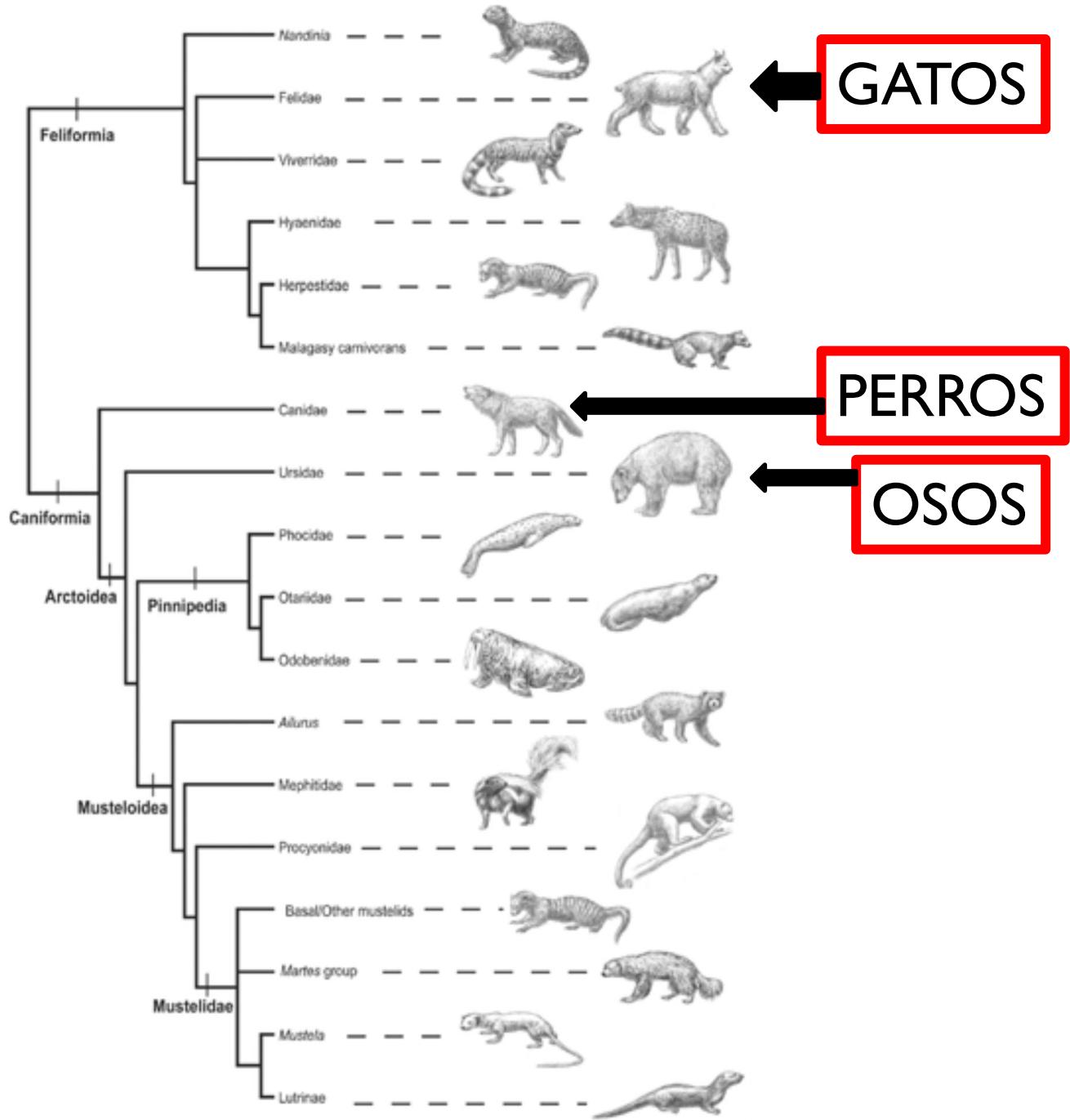
2. OBJETIVO: Relaciones filogenéticas internas

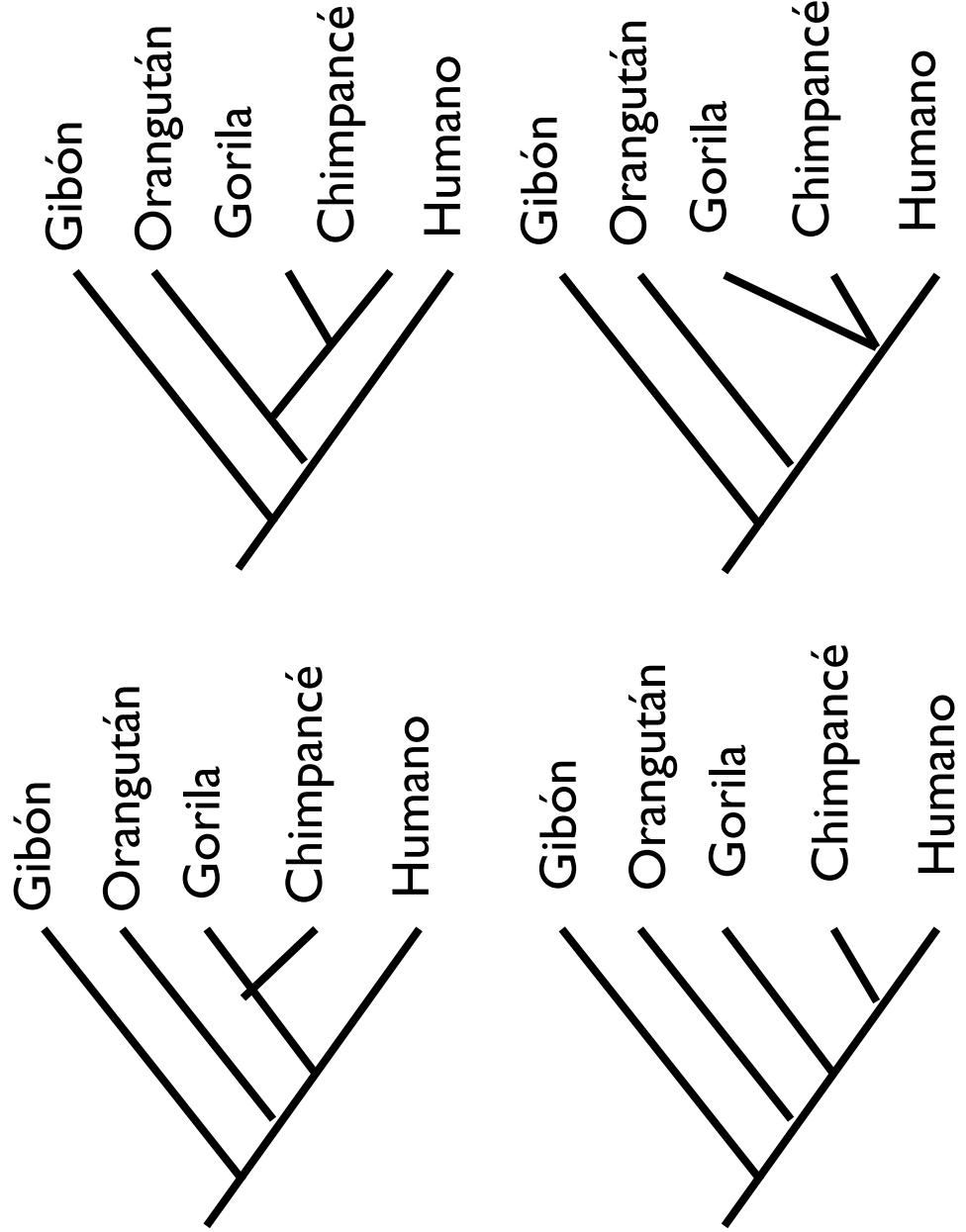
Hipótesis: Los perros están más relacionados a los osos que a los gatos



Grupo ajeno: Topo







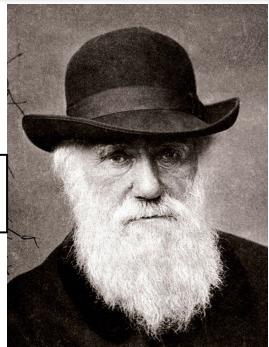
Hylobatidae



Pongidae

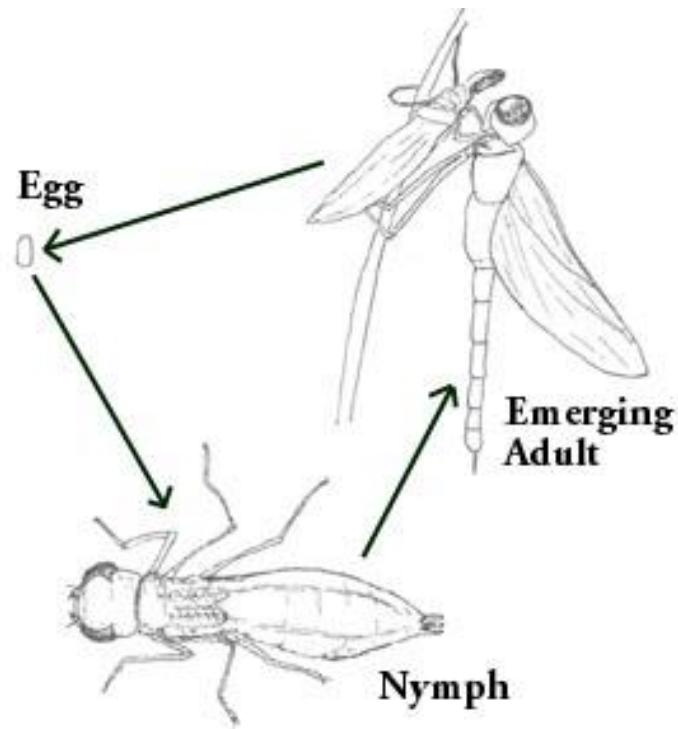


Hominidae

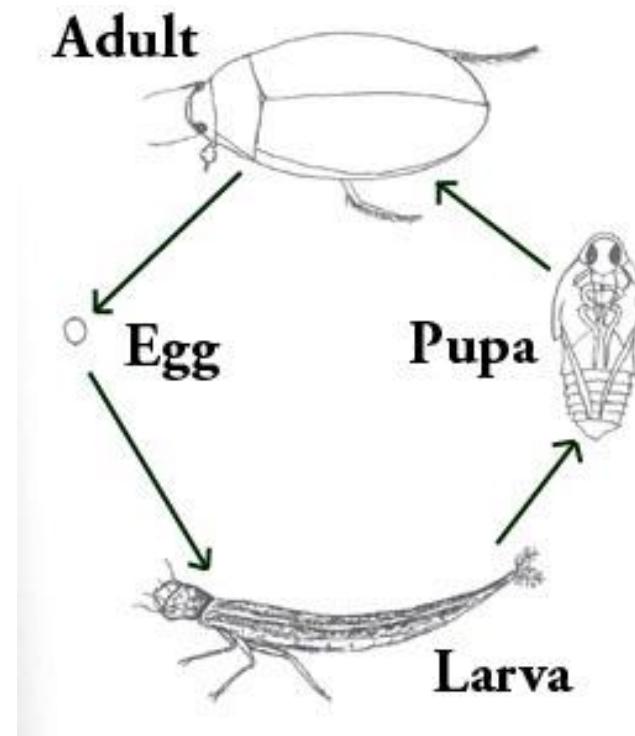


3. OBJETIVO: Encontrar el origen evolutivo de linajes y caracteres (y evaluar su condición homóloga)

Hipótesis: la metamorfosis en insectos se originó una sola vez y mucho después del origen del grupo



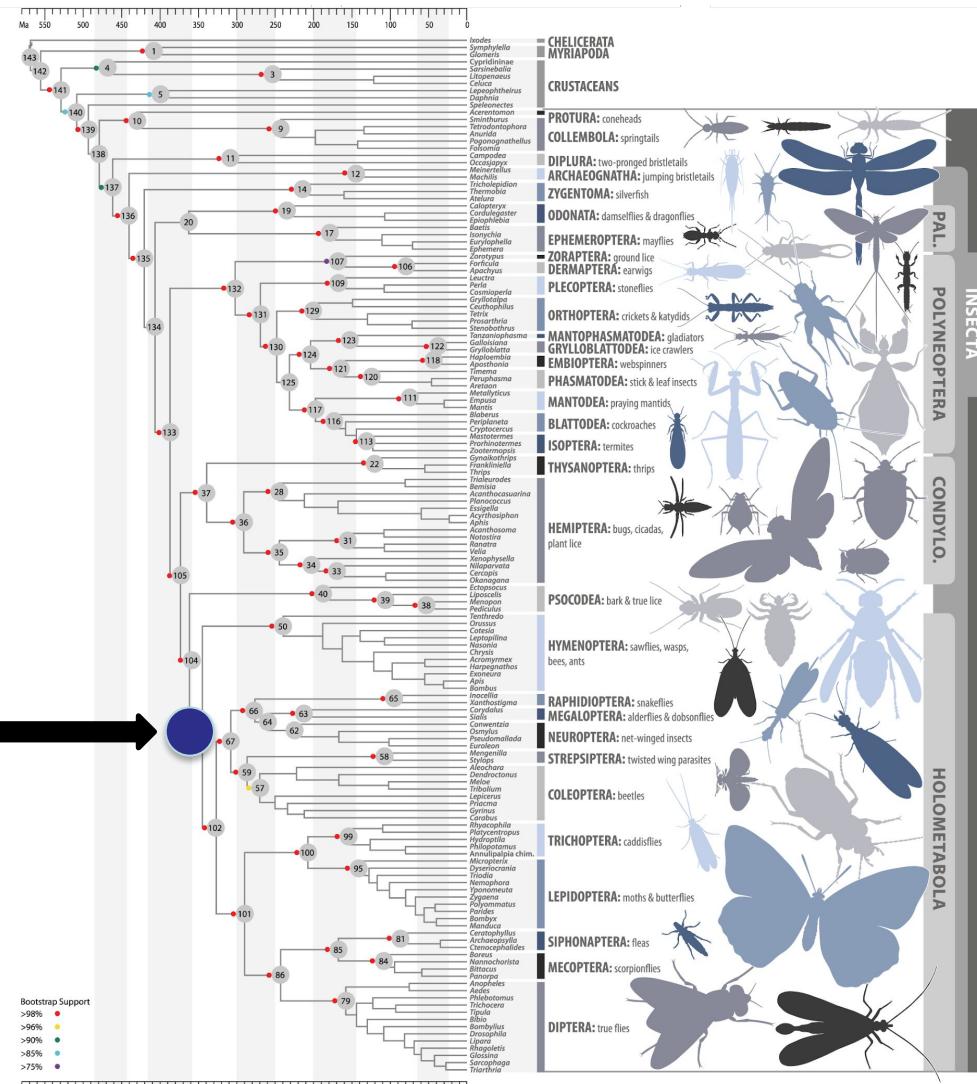
Hemimetábolos (metamorfosis incompleta)



Holometábolos (metamorfosis completa)

3. OBJETIVO: Encontrar el origen evolutivo de linajes y caracteres (y evaluar su condición homóloga)

Hipótesis: la metamorfosis en insectos se originó una sola vez y mucho después del origen del grupo



Orígen de la
metamorfosis
completa

Puya: un linaje icónico de los Andes

Valles secos



Costa de Chile



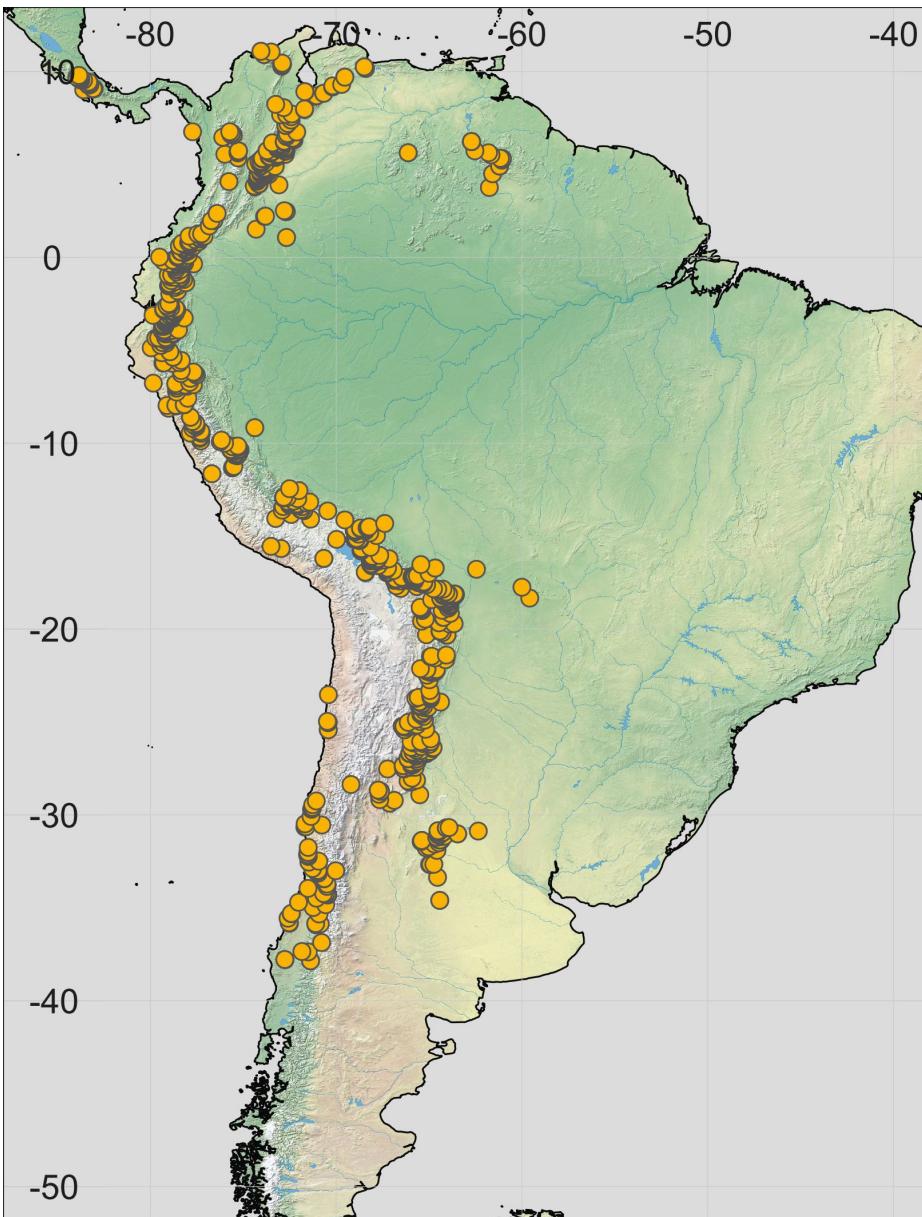
Puna



Páramo



Composición y distribución



Ca. 250 especies

Centros de diversidad:

- Andes centrales: ca. 150 especies
- Norte de los Andes: ca. 90 especies

Plasticidad fenotípica

Alta plasticidad derivada de la adaptación a hábitats extremos

Tamaño



10 m

Inflorescencia



Flores



Semelparidad



Protección



Preguntas

Presunción de monofilia (Givnish et al., 2011, Jabaily & Systma 2010, 2012)

- ¿En donde se originó este linaje?
- ¿Cuál fue la secuencia de eventos biogeográficos que permitieron la diversificación del grupo en los Andes?
- ¿Cómo y cuándo se dieron los eventos de colonización a ecosistemas de alta montaña?
- ¿Qué patrones fenotípicos se correlacionan con la diversificación en diferentes biomas andinos?



Muestreo



Salidas de campo:

- Argentina, Bolivia, Chile, Colombia, Ecuador, Peru, Costa Rica

Muestreo Taxonómico:

- G. ajeno: 3 OTUs (*Pitcairnia*, *Neoregelia*, *Bromelia*)
- G. interno: 110 OTUs (88 species of *Puya* ~ 40%)

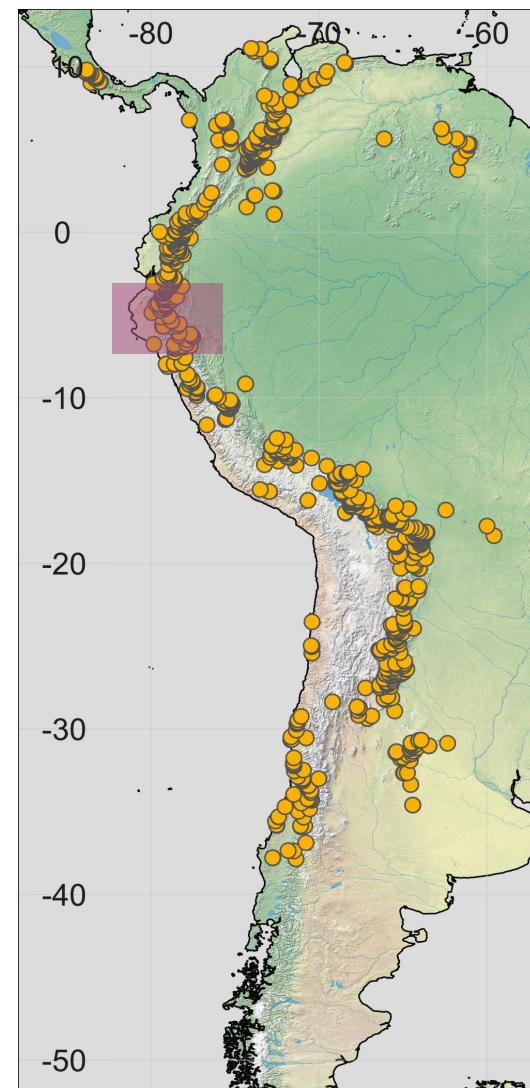
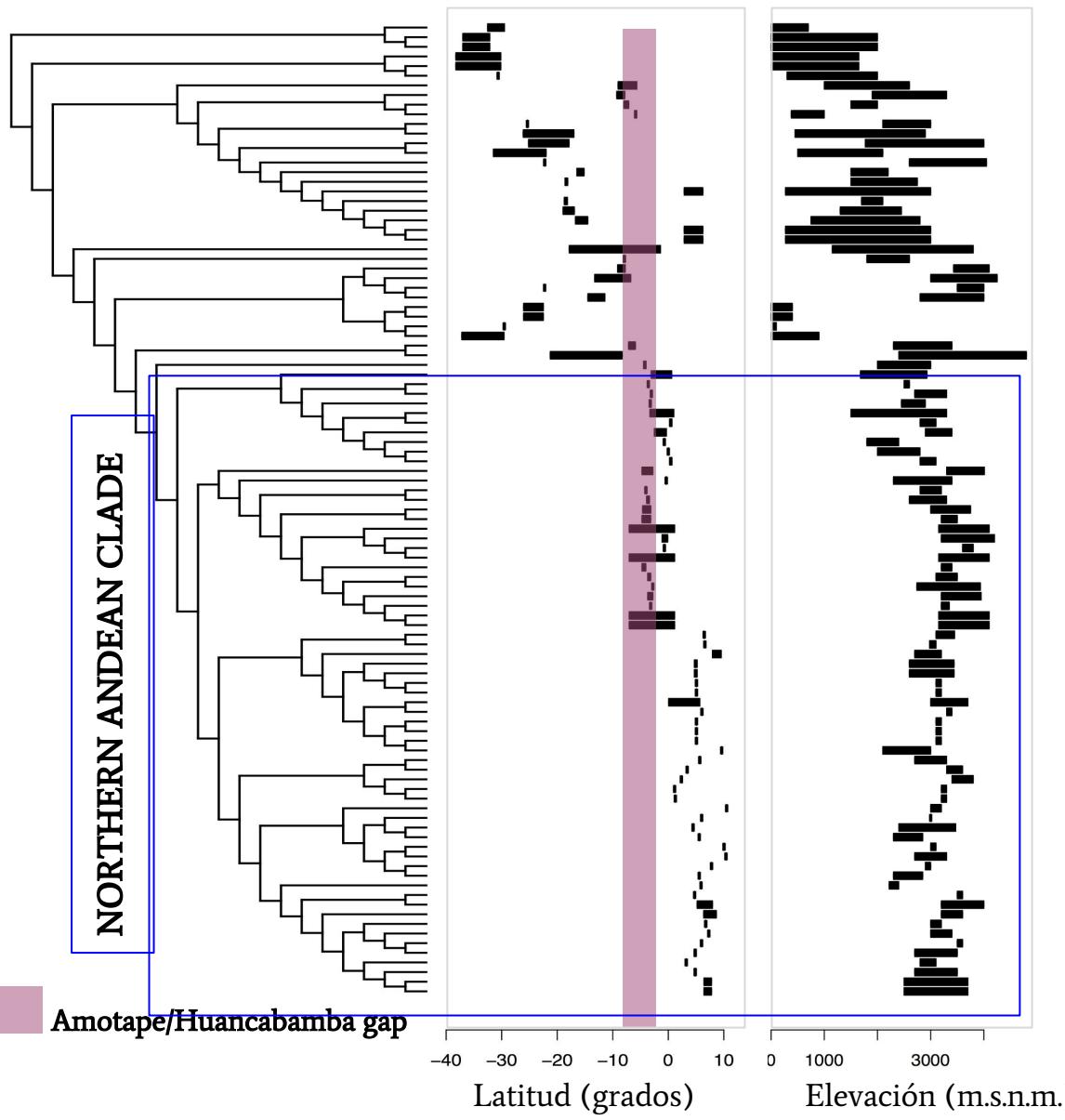
Muestreo genómico:

- 353 genes nucleares

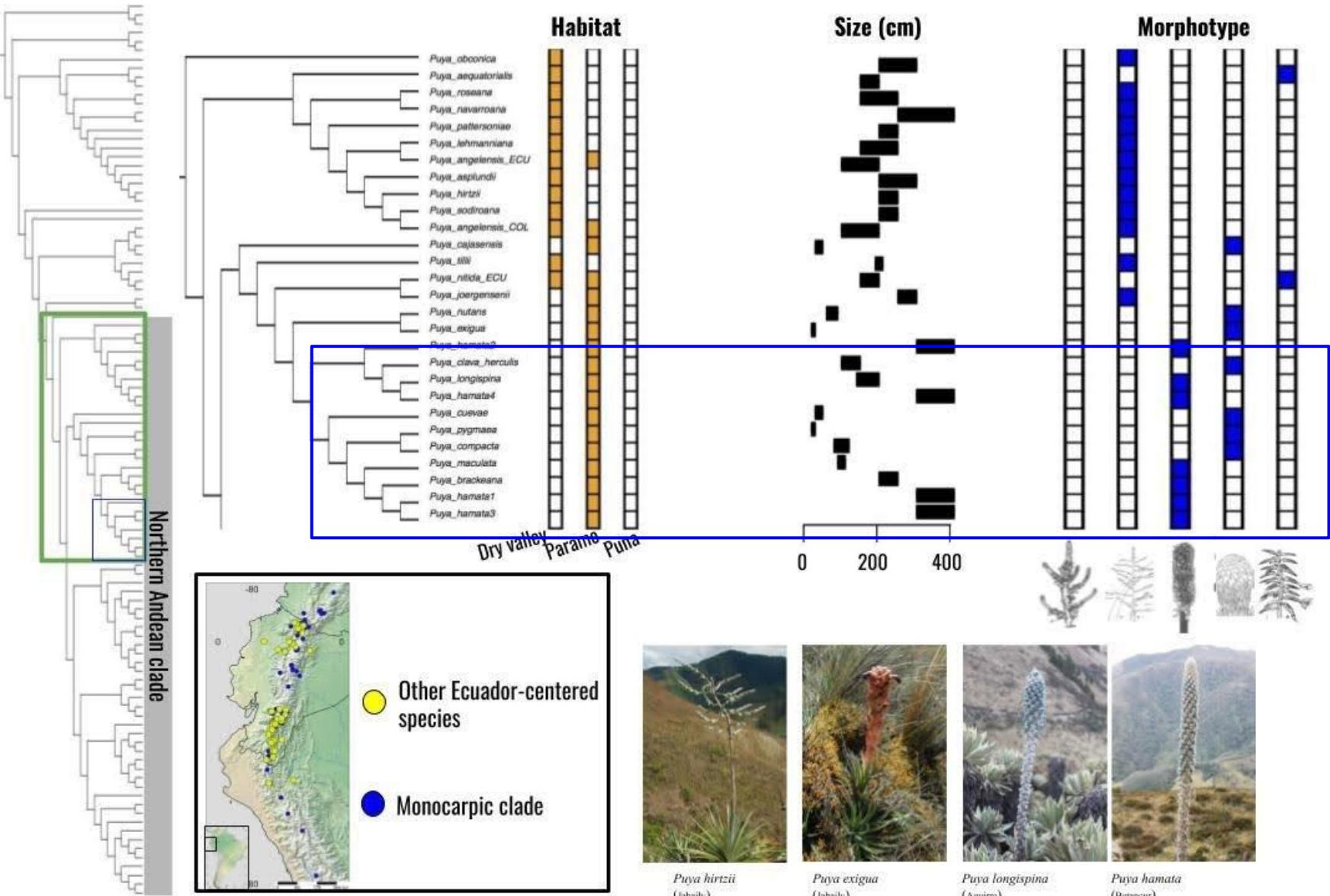
Datos fenotípicos:

- Ca. 30 caracteres continuos

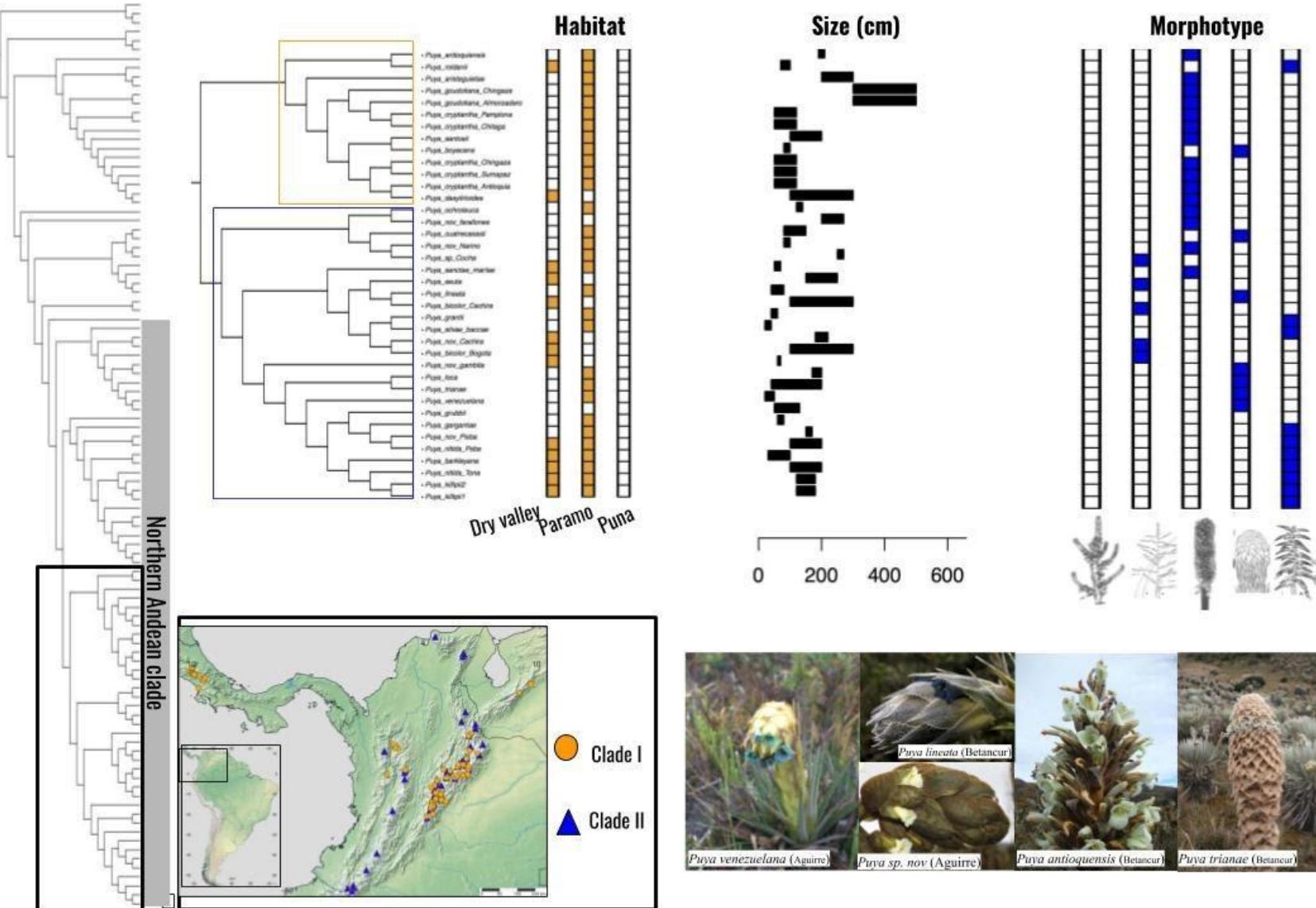
Filogenómica y macroevolución *Puya*



Filogenómica y macroevolución Puya



Filogenómica y macroevolución Puya



Theridiidae

The Agnarsson Lab

[Home](#)[Ingi Agnarsson](#)[Lab Members](#)[Research](#)[Publications](#)[Social Spiders](#)[Theridiidae and Cobgen 0.1](#)[Photography](#)

Theridiidae - Cobweb spiders



From left to right: *Achaearanea* sp. gumfoot web, *Anelosimus baeza* palp, the social *Theridion nigroannulatum*, *Selkirkella* sp., *Theridion* sp.



CONSTRUCCIÓN DE MATRICES PARA INFERENCIA FILOGENÉTICA

Genus	Transformation series ^{a)}														
	A ^{b)}	B ^{b)}	C ^{b)}	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O ^{b)}
<i>Acuaria</i>	2	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0
<i>Ancyraanthopsis</i>	0	1	2	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1
<i>Cosmocephalus</i>	4	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Desportesius</i>	3	0	0	0	1	0	1	1	0	0	2	1	0	0	0
<i>Echinuria</i>	3	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2	0	0	0	0
<i>Molinacuaria</i>	0	0	2	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	1
<i>Paracuaria</i>	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Schistorophus</i>	0	1	2	0	0	0	0	1	2	0	0	0	0	0	1
<i>Sciadilocara</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
<i>Seuratia</i>	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0
<i>Skrjabinocerca</i>	2	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	1	0
<i>Skrjabinooclava</i>	4	0	0	0	0	1	0	1	0	0	2	1	0	2	0
<i>Sobolevicephalus</i>	0	1	2	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1
<i>Stammerinema</i>	3	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0
<i>Stegophorus</i>	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
<i>Synhimantus</i>	3	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	2	0
<i>Tikusanema</i>	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	2	0
<i>Spiroxys^{c)}</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1

<i>Scarites</i>	C	T	T	A	G	A	T	C	G	T	A	C	C	A	-	-	A	A	T	A	T	T	A	C	
<i>Carenum</i>	C	T	T	A	G	A	T	C	G	T	A	C	C	A	C	-	T	A	C	-	T	T	T	A	C
<i>Pasimachus</i>	A	T	T	A	G	A	T	C	G	T	A	C	C	A	C	T	A	T	A	G	T	T	T	A	C
<i>Pheropsophus</i>	C	T	T	A	G	A	T	C	G	T	T	C	C	A	C	-	-	A	C	A	T	A	T	A	C
<i>Brachinus armiger</i>	A	T	T	A	G	A	T	C	G	T	A	C	C	A	C	-	-	A	T	A	T	A	T	T	C
<i>Brachinus hirsutus</i>	A	T	T	A	G	A	T	C	G	T	A	C	C	A	C	-	-	A	T	A	T	A	T	A	C
<i>Aptinus</i>	C	T	T	A	G	A	T	C	G	T	A	C	C	A	C	-	-	A	C	A	T	T	A	C	C
<i>Pseudomorpha</i>	C	T	T	A	G	A	T	C	G	T	A	C	C	-	-	-	-	A	C	A	A	A	T	A	C

REPASO...

- Homología primaria

Afirmación de homología previa al análisis

- Homología secundaria

Afirmación de homología posterior al análisis

REPASO...

- Caracter vs. estado de caracter
- Tipos de caracteres según la fuente
- Codificación de un caracter morfológico binario
- Codificación de un caracter molecular multiestado

EJEMPLO CON CARNIVORA

I. Selección de taxones

Pregunta 1: ¿Cuales son las relaciones dentro de Carnivora?

Pregunta 2: ¿Los pinnipedos forman un grupo monofilético?



Grupo ajeno: Topo



EJEMPLO CON CARNIVORA

2. Lista de caracteres y estados de carácter

No.	Carácter	Estados
1	Ramificación de los maxiloturbinales	(0): Poco ramificado (1): Altamente ramificado
2	Forma del proceso paroccipital	(0): Erecto, (1): Convexo
3	# de incisivos inferiores	(0): 2, (1): 3:
4	Molar superior # 1	(0): presente, (1): ausente
5	Baculum (hueso peniano)	(0): presente, (1): ausente
6	Cola	(0): Larga, (1): corta
7	Halux (quinto dígito en la parte trasera de la pierna)	(0): prominente, (1): reducido o ausente
8	Garras	(0): No retraíbles, (1): retraíbles
9	Glándula prostática	(0): pequeño y simple, (1): grande, bilobado
10	Estructura del riñón	(0): simple, (1): conglomerado
11	Orejas externas	(0): presente, (1): ausente
12	Posición de los testículos	(0): escrotal, (1): abdominal

EJEMPLO CON CARNIVORA

3. Matriz morfológica codificada

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Gr. ajeno	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Gato	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0
Hiena	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1
Mangosta	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1
Perro	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	0	1
Mapache	1	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0
Oso	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0
Castor	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1
Foca	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0
Morsa	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0
León Marino	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1

EJEMPLO CON CARNIVORA

3. Matriz morfológica codificada

OTROS CÓDIGOS:

- Polimorfismos (I2) o [I2], (A)
- No aplicable: (–) o (9) o (?)
- Gap: (–); solo para ADN o AAs
- Faltante: (–) o (9) o (?)
- Ambiguedad (ADN): Código IUPAC

IUPAC Code	Mnemonic	Meaning	Complement
A	Adenine	A	T
C	Cytosine	C	G
G	Guanine	G	C
T/U	Thymidine	T	A
K	Keto	G or T	M
M	Amino	A or C	K
S	Strong	C or G	S
W	Weak	A or T	W
R	Purine	A or G	Y
Y	Pyrimidine	C or T	R
B	not A	C or G or T	V
D	not C	A or G or T	H
H	not G	A or C or T	D
V	not T and not U	A or C or G	B
N	any	G or A or T or C	N

MATRICES DE ADN

Demostración GenBank y MAFFT

Scorites	C T T A G A T C G T A C C C A A - - - A A T A T T A C
Carenum	C T T A G A T C G T A C C C A C A - T A C - T T T A C
Pasimachus	A T T A G A T C G T A C C C A C T A T A A G T T T A C
Pheropsophus	C T T A G A T C G T T C C A C - - - A C A T A T A C
Brachinus armiger	A T T A G A T C G T A C C C A C - - - A T A T A T T C
Brachinus hirsutus	A T T A G A T C G T A C C C A C - - - A T A T A T A C
Aptinus	C T T A G A T C G T A C C C A C - - - A C A A T T A C
Pseudomorpha	C T T A G A T C G T A C C - - - A C A A A T T A C

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>

FORMATO NEXUS

```
#NEXUS
```

```
[
```

```
Data from:
```

Hayasaka, K., T. Gojobori, and S. Horai. 1988. Molecular phylogeny and evolution of primate mitochondrial DNA. Mol. Biol. Evol. 5:626-644.

```
]
```

```
begin data;
    dimensions ntax=12 nchar=898;
    format datatype=dna interleave=no gap=-;
    matrix
```

Tarsius_syrichta	AAGTTTCATTGGAGCCACCACTCTTATAATTGCCATGGCCTCACCTCCCTATTATTTGCCTAGCA
Lemur_catta	AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTAATAATCGCACATGGCCTACATCATCCATATTATTCTGTCTAGCC
Homo_sapiens	AAGCTTCACCGGCGCAGTCATTCTCATAATGCCACGGGCTTACATCCTCATTACTATTCTGCCTAGCA
Pan	AAGCTTCACCGGCGCAATTATCCTCATAATGCCACGGACTTACATCCTCATTATTATTCTGCCTAGCA
Gorilla	AAGCTTCACCGGCGCAGTTGTTCTTATAATTGCCACGGACTTACATCATCATTATTATTCTGCCTAGCA
Pongo	AAGCTTCACCGGCGCAACCACCCCTCATGATTGCCATGGACTCACATCCTCCCTACTGTTCTGCCTAGCA
Hylobates	AAGCTTTACAGGTGCAACCGTCTCATAATGCCACGGACTAACCTCTCCCTGCTATTCTGCCTTGCA
Macaca_fuscata	AAGCTTTCCGGCGCAACCACCTTATGATCGCTCACGGACTCACCTCTCCATATATTCTGCCTAGCC
M_mulatta	AAGCTTTCTGGCGCAACCACCTCATGATTGCTCACGGACTCACCTCTCCATATATTCTGCCTAGCC
M_fascicularis	AAGCTTCTCCGGCGCAACCACCCCTTATAATTGCCACGGGCTCACCTCTCCATGTATTCTGCTTGGCC
M_sylvanus	AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCATGGACTCACCTCTCCATATACTTCTGCTTGGCC
Saimiri_sciureus	AAGCTTCACCGGCGCAATGATCCTAATAATTGCCACGGTTACTTCGTATGCTATTCTGCCTAGCA

```
;
```

```
end;
```

```
#NEXUS
```

```
[written Tue Mar 14 20:37:25 COT 2017 by Mesquite version 3.2 (build 801) at  
Julians-MacBook-Pro.local/192.168.0.6]
```

```
BEGIN TAXA;
```

```
    TITLE Taxa;
```

```
    DIMENSIONS NTAX=12;
```

```
    TAXLABELS
```

```
        Tarsius_syrichta Lemur_catta Homo_sapiens Pan Gorilla Pongo Hylobates  
        Macaca_fuscata M_mulatta M_fascicularis M_sylvanus Saimiri_sciureus
```

```
    ;
```

```
END;
```

```
BEGIN CHARACTERS;
```

```
    TITLE Character_Matrix;
```

```
    DIMENSIONS NCHAR=897;
```

```
    FORMAT DATATYPE = DNA GAP = - MISSING = ?;
```

```
    MATRIX
```

```
        Tarsius_syrichta
```

```
AAGTTTCATTGGAGCCACCACTTATAATTGCCATGGCCTCACCTCCCTATTATTTGCTAGCAAATACAAACTACGAACGAGT
```

```
#NEXUS
```

```
BEGIN DATA;
```

```
    DIMENSIONS NTAX=12 NCHAR=897;
```

```
    FORMAT DATATYPE = DNA GAP = - MISSING = ?;
```

```
    MATRIX
```

```
        Tarsiussyrichta AAGTTTCATTGGAGCCACCACTTATAATTGCCATGGCCTCACCTCCCTATTATTTGCTAGCAAATACAAACTACGAACGAGTC  
        Lemurcatta AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTATAATCGCACATGGCCTACATCATCCATTATTCTGTAGCAAACCTAACAGAACATC  
        Homosapiens AAGCTTCACCGGCGCAGTCATTCTATAATGCCACGGGCTTACATCCTTACTATTCTGCTAGCAAACCTAACAGAACACT  
        Pan AAGCTTCACCGGCGCAATTATCCTATAATGCCACGGGACTTACATCCTTACTATTCTGCTAGCAAACCTAACATTATGAACGACCC  
        Gorilla AAGCTTCACCGGCGCAGTTGTTCTATAATTGCCACGGGACTTACATCATCATTATTCTGCTAGCAAACCTAACAGAACGAA  
        Pongo AAGCTTCACCGGCGCAACCACCCCTCATGATTGCCACGGGACTCACATCCTCCCTACTGTTCTGCTAGCAAACCTAACAGAACGAA  
        Hylobates AAGCTTACAGGTGCAACCGCTCCTATAATGCCACGGGACTAACCTCTCCCTGCTATTCTGCTTAGCAAACCTAACAGAACGAA  
        Macacafuscata AAGCTTTCCGGCGCAACCACCTCTTATGATGCTCACGGGACTCACCTCTCCATATATTCTGCTAGCAAACCTAACAGAAC  
        Mmulatta AAGCTTTCTGGCGCAACCACCTCTCATGATTGCTCACGGGACTCACCTCTCCATATATTCTGCTAGCAAACCTAACAGAAC  
        Mfascicularis AAGCTTCTCCGGCGCAACCACCCCTATAATGCCACGGGCTCACCTCTCCATGTATTCTGCTTAGCAAACCTATGAACGCA  
        Msylvanus AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCATGGGACTCACCTCTCCATATACTCTGCTTAGCAAACCTAACAGAAC  
        Saimirisciureus AAGCTTCACCGGCGCAATGATCCTATAATCGCTCACGGGTTACTCGTATGCTTAGCAAACCTAACATTACGAACGAA  
    ;
```

```
END;
```

```
begin mrbayes;  
    set autoclose=yes nowarn=yes;  
    lset nst=6 rates=invgamma;  
    unlink statefreq=(all) revmat=(all) shape=(all) pinvar=(all);  
    prset applyto=(all) ratepr=variable;  
    mcmc ngen= 10000000 relburnin=yes burninfrac=0.25 printfreq=1000 samplefreq=1000 nchains=4 savebrlens=yes;  
    mcmc;  
    sumt;  
end;
```

FORMATO PHYLIP

12 897

Tarsius_sy AAGTTTCATTGGAGCCACCACTTTATAATTGCCCATGGCCTCACCTCCTCCCTATTATTTGCCTAGCAAATACAAAC
Lemur_catt AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTAATAATCGCACATGGCCTTACATCATCCATATTATTCTGTCTAGCCAACACTAAC
Homo_sapie AAGCTTCACCGGGCGAGTCATTCTCATAATGCCACGGGCTTACATCCTCATTACTATTCTGCCTAGCAAACCTCAAAC
Pan AAGCTTCACCGGGCGCAATTATCCTCATAATGCCACGGACTTACATCCTCATTATTATTCTGCCTAGCAAACCTCAAAC
Gorilla AAGCTTCACCGGGCGAGTTGTTCTTATAATTGCCACGGACTTACATCATCATTATTATTCTGCCTAGCAAACCTCAAAC
Pongo AAGCTTCACCGGGCGCAACCACCCCTCATGATTGCCATGGACTCACATCCTCCCTACTGTTCTGCCTAGCAAACCTCAAAC
Hylobates AAGCTTACAGGTGCAACCGTCCTCATAATGCCACGGACTAACCTCTCCCTGCTATTCTGCCTTGCAAACCTCAAAC
Macaca_fus AAGCTTTCCGGCGCAACCACCATCCTTATGATCGCTACGGACTCACCTCTTCATATATTCTGCCTAGCCAATTCAAAC
M_mulatta AAGCTTTCTGGCGCAACCATCCTCATGATTGCTACGGACTCACCTCTTCATATATTCTGCCTAGCCAATTCAAAC
M_fascicul AAGCTTCTCCGGCGCAACCACCCCTTATAATTGCCACGGGCTCACCTCTTCATGTATTCTGCTTGGCCAATTCAAAC
M_sylvanus AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCATGGACTCACCTCTTCATATACTTCTGCTTGGCCAACCTCAAAC
Saimiri_sc AAGCTTCACCGGGCGCAATGATCTAATAATCGCTACGGGTTACTTCGTCTATGCTATTCTGCCTAGCAAACCTCAAAC

```

|nstates dna;
xread
897 12
Tarsius_syrichta    AAGTTTCATTGGAGCCACCACTCTTATAATTGCCATGGCCTCACCTCCCTATTATTTGCCTAGCA
Lemur_catta    AAGCTTCATAGGAGCAACCATTCTAATAATCGCACATGGCCTTACATCATCCATATTATTCTGTCTAGCCAACCTCTAA
Homo_sapiens    AAGCTTCACCGGCGCAGTCATTCTCATAATGCCAACGGCTTACATCCTCATTACTATTCTGCCTAGCAAACCTCTAA
Pan    AAGCTTCACCGGCGCAATTATCCTCATAATGCCAACGGACTTACATCCTCATTATTCTGCCTAGCAAACCTCAAATTATGAAC
Gorilla   AAGCTTCACCGGCGCAGTTGTTCTTATAATTGCCAACGGACTTACATCATCATTATTCTGCCTAGCAAACCTCAAACCTAC
Pongo    AAGCTTCACCGGCGCAACCACCCCTCATGATTGCCATGGACTCACATCCTCCACTGTTCTGCCTAGCAAACCTCAAACCTAC
Hylobates   AAGCTTACAGGTGCAACCGTCCCTCATAATGCCAACGGACTAACCTCTTCCCTGCTATTCTGCCTTGCAAACCTCAAACCTCAA
Macaca_fuscata  AAGCTTCCGGCGCAACCACCTTATGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTCTGCCTAGCCAATTCAAACCTCAA
M_mulatta   AAGCTTTCTGGCGCAACCACCTCATGATTGCTCACGGACTCACCTCTTCCATATATTCTGCCTAGCCAATTCAAACCTCAA
M_fascicularis AAGCTTCTGGCGCAACCACCCCTATAATGCCAACGGCTCACCTCTTCCATGTATTCTGCTTGCCAATTCAAACCTCAA
M_sylvanus   AAGCTTCTCCGGTGCAACTATCCTTATAGTTGCCATGGACTCACCTCTTCCATATACTCTGCTTGCCAATTCAAACCTCAA
Saimiri_sciureus AAGCTTCACCGGCGCAATGATCCTAATAATGCCACGGGTTACTCGTCTATGCTATTCTGCCTAGCAATTCAAACCTCAA
;
```

```

proc /;
comments 0
;
xread
'indel characters coded using 2xread using the "simple gap coding" method of SIMMONS, M. P
5800 168
A_acicu_J1           2-31302-1232210100232221232-312012212013122-----01-002011032
A_allen_J68          2-31302-1232210100232221232-312012012013123-----01-002011032
A_altoc_J80          ??????????????????????????????????????????????????????????????
A_amori_J2           2-31302-1232210100232221232-312010212013122-----01-002011032
A_amori_J81          2-31302-1232210100232221232-312010212013122-----01-002011032
A_ander_J147_T        -----02-1232210100232221232-312010212013122-----01-002011032
|R_sp_no_J139         -----302-1232210100232221232-312012212013122-----01-002011032
;
cc - .;
proc/;

# 
$ 
;
cn {0 sequence_1 A C G T /;
{1 sequence_2 A C G T /;
{2 sequence_3 A C G T /;
{3 sequence_4 A C G T /;
{4 sequence_5 A C G T /;
{5 sequence_6 A C G T /;
{6 sequence_7 A C G T /;
{7 sequence_8 A C G T /;
{8 sequence_9 A C G T /;
{9 sequence_10 A C G T /;
{10 sequence_11 A C G T /;
{11 sequence_12 A C G T /;
{12 sequence_13 A C G T /;
{13 sequence_14 A C G T /;
{14 sequence_15 A C G T /;
{15 sequence_16 A C G T /;
```

FORMATO XREAD OTNT