

**ESTUDIO FILOGENETICO DE LA FAMILIA RANIDAE (*sensu lato*) CON BASE EN CARACTERES
MUSCULARES**

TRABAJO DE GRADO

Para obtener el grado de

BIÓLOGO

Presentado por:

FELIPE BOCANEGRA GÓMEZ

El 21 de Noviembre de 2011

PONTIFICIA UNIVERSIDAD JAVERIANA
BOGOTA

ESTUDIO FILOGENETICO DE LA FAMILIA RANIDAE (*sensu lato*) CON BASE EN CARACTERES
MUSCULARES

FELIPE BOCANEGRA GÓMEZ

Ingrid Schuler García Ph.D.
Decano Académico

Andrea Forero Ruiz
Director de Carrera

Nota de advertencia

“La universidad no se hace responsable por los conceptos emitidos por sus alumnos en sus trabajos de grados de tesis. Solo velará por que no se publique nada contrario al dogma y la moral católica y por que las tesis no contengan ataques personales contra persona alguna, antes bien se ve en ella el anhelo de buscar la verdad y la justicia”

Artículo 23 de la Resolución No 13 de Julio de 1946

Dedico el presente trabajo a mi FAMILIA por estar siempre a mi lado, por su constante apoyo y por los consejos que me han dado en cada momento de mi vida.

AGRADECIMIENTOS

A mi Director Julio Mario Hoyos PhD. por su persistente guía en la elaboración de este proyecto

Resumen

Aunque existe mucha información respecto a la musculatura de grupos adultos de Anura, muy poca de esta pertenece explícitamente a la familia Ranidae. En este proyecto de investigación se va a utilizar información no publicada de Hoyos (1999) para hacer un estudio filogenético de 53 especies de esta familia con 77 caracteres musculares, para el análisis de éstos se van a emplear dos programas de análisis sistemáticos T.N.T y Paup*. Con este proyecto se va a aportar información a un proyecto dirigido por Elizabeth Scott del Museo Estadounidense de Historia Natural de Nueva York. Adicionalmente se quiere aumentar la información digital de músculos de la familia Ranidae en una base de datos en internet (Morphobank), utilizando el programa de diseño gráfico llamado Adobe Illustrator CS5. Después del análisis, aunque se presentaron relaciones filogenéticas con los taxones utilizados y comparados con Frost (2011) es importante aumentar los estudios filogenéticos de la familia Ranidae *s.l.* ya que aún se presentan muchos vacíos en las relaciones de esta familia.

Planteamiento del Problema:

Este proyecto de investigación hace parte de un proyecto titulado “PHYLOGENY AND CLASSIFICATION OF RANID FROGS (ANURA, NATANURA): SYNTHESIS OF MORPHOLOGY AND MOLECULES” dirigido por Elizabeth Scott del Museo Estadounidense de Historia Natural de Nueva York, donde ella se propone triplicar el número de caracteres,

Aunque existe mucha información respecto a la musculatura de grupos adultos en Anura, muy poca de esta pertenece explícitamente a la familia Ranidae exceptuando la tesis de PhD. de Hoyos en 1999, no publicada, en filogenia de Ranidae *sensu lato* utilizando caracteres musculares y óseos, y una publicación de la filogenia de los Ranidae *sensu lato*, pero ésta solo se basa en caracteres óseos (Scott, 2005). Por esa razón este proyecto va a colaborar juntando información solo de músculos, con 77 caracteres musculares, los cuales ya han sido identificados, y van a formar una base de datos de Ranidae. De 247 especies propuestas en el proyecto general, en este se van a analizar 53 especies que corresponden a las estudiadas por Hoyos (1999).

Adicionalmente, existe poca documentación disponible acerca de músculos en Ranidae, por lo que se van a tomar algunos músculos descritos y dibujados por Hoyos (1999) para subirlos a la base de datos en internet llamada “MorphoBank”, la cual es una de las páginas más importantes e innovadoras para conducir investigaciones filogenéticas en morfología (Morphobank, 2010).

Introducción – Marco Teórico.

Ranidae es una familia de ranas con gran distribución, representada en los continentes de América, Europa pero con una mayor presencia en Asia y África (Hoyos, 1999). La superfamilia Ranoidea, comprende un gran grupo de familias principalmente del Viejo Mundo (Neobatrachia, Arthroleptidae, Hemisotidae, Rhacophoridae y Ranidae entre otros). En el siglo XX la mayoría de estos taxones fueron ubicados en la familia Ranidae, pero muchos grupos fueron también separados en diferentes familias (Scott, 2005). Actualmente, se reconocen dentro de la familia Ranidae (Anura, Natanura) alrededor de 347 especies según Frost (2011).

Los alemanes y franceses fueron quienes realizaron las primeras clasificaciones de los anuros (entre 1768 y 1841). La musculatura y la osteología de las ranas han sido utilizadas durante mucho tiempo para tratar de construir una clasificación de los anuros, desde Noble en 1922 y Dunlap en 1960. Sin embargo, vale la pena recalcar que la osteología se ha utilizado más que la miología en la búsqueda de relaciones de parentesco entre Ranidae (Hoyos, 2004).

A pesar de la gran diversidad morfológica y de su amplia distribución, las relaciones filogenéticas de Ranidae eran bastante desconocidas; la mayoría de los arreglos realizados en los anuros fueron realizados en la familia Ranidae durante las últimas dos décadas (Scott, 2005). La escasez histórica de estudios morfológicos comparados ha dado lugar a una prevalencia de los taxones parafiléticos basados en evaluaciones autoritarias (Scott, unpubl. data). Por ejemplo, Ranidae *s. l.* (ahora Natanura) se clasificó como un grupo parafilético para tres familias reconocidas en la mayoría de las clasificaciones anteriores (Mantellidae, Petropedetidae y Rhacophoridae) y siete subfamilias nuevas de Ranidae fueron creadas (Dubois, 1986; Dubois, 1992), debido a la ausencia del análisis filogenético. Mientras que algunos de estas subfamilias ya han demostrado ser monofiléticos, como por ejemplo, Ptychadeninae y Omopterninae, otros como Dicroglossinae, Petropedetinae y Raninae, han sido definidos como parafiléticos (Frost *et al.* 2006) (Scott, unpubl. Data, 2010).

Con relación a lo anterior, algunos de los cambios que se dieron en la familia Ranidae fueron por Dubois (1981), quien en sus primeros trabajos había dividido a la familia Ranidae en tres subfamilias: Raninae, Mantellinae y Phrynobatrachinae. Posteriormente, el mismo Dubois (1986) excluyó las últimas dos subfamilias de Ranidae y la dividió en dos grupos de subfamilias: Raninae Rhacophorinae y, por último, Dubois (1992) llegó a la división de la familia Ranidae en 7 subfamilias: Dicroglossinae,

Ptychadeninae, Pyxicephalinae, Raninae, Ranixalinae, Tomopterninae y Rhacophorinae (Hoyos, 2004).

Los programas de análisis sistemático que se van a utilizar son Paup y TNT, éstos realizan un análisis cladístico, que como objetivo tiene obtener una hipótesis de la jerarquía del grupo hermano y expresarlo en cladogramas, que expresan la unidad genealógica o clados. El principal objetivo de la cladística es establecer relaciones de grupos hermanos, y el concepto de dos taxones más relacionados entre sí que cualquiera de ellos a un tercero. Los grupos hermanos son hipótesis a través del análisis de los caracteres. Estos caracteres pueden ser morfológicos (utilizados en este proyecto), fisiológicos, de comportamiento y ecológicos o moleculares (Charles, *et al.* 2008)

Del mismo modo, este análisis cladísticos realizado por TNT y Paup, busca la hipótesis más parsimoniosa, donde la distribución de los caracteres también es considerada como el menor número de pasos en un cladograma. Este número de pasos es contado como el número de casos donde un carácter es adquirido; esta idea de los pasos es sutil, ya que un solo carácter puede aparecer en un momento dado en un cladograma y desaparecen de nuevo en otro punto. Ahora bien en cladística se habla de la longitud de un cladograma y esto se refiere al número de cambios del carácter, independientemente de si esos cambios son ganancias o pérdidas. (Kitching *et al.*, 1998).

Sin embargo, vale la pena resaltar que para obtener estos cladogramas parsimoniosos uno de los análisis más comunes es el análisis heurístico en Paup, que en TNT se llama búsqueda tradicional; este análisis es esencialmente prueba y error para obtener resultados lo más rápido posible, y por esta razón no garantizan encontrar la longitud mínima de los cladogramas. Uno de los análisis heurísticos más utilizados es branch-swapping o (intercambio de ramas), que busca mejorar los resultados realizando una serie de reordenamientos, con la esperanza de que sea encontrado un cladograma más corto. Estos rearrreglos o intercambios de ramas pueden ser realizados por varios algoritmos; en este proyecto se utilizó el algoritmo TBR tree bisection and reconnection (bisección y reconexión de arboles) que hace volver a sus raíces el sub-cladograma cortado para el rearrreglo antes de que se vuelva a conectar cada rama de lo que queda del cladograma, (Kitching *et al.*, 1998).

Adicionalmente, junto con el análisis heurístico y la utilización del algoritmo TBR se utiliza una optimización, en este caso la de Wagner, que es una de los criterios de optimización más flexibles, donde la imposición de restricciones son mínimas en los cambios del estado de carácter, es decir permite convergencias y reversiones. Aunque

una de las consecuencias de permitir estas reversiones es que el número de estados de carácter varía, y del mismo modo la longitud del cladograma (Kitching *et al.*, 1998).

Por otra parte, algunos índices son estimados para medir el grado de homoplasia de los caracteres utilizados, como el índice de consistencia. Es importante que se utilice PAUP, ya que este programa arroja estos índices. Es una fórmula donde (M) el mínimo número de cambios de un carácter; se divide por (S) el número de pasos efectivos de ese carácter.

$$CI = \frac{M}{S}$$

Cuando el índice es igual a 1 significa que no hay homoplasias (ya sean convergencias o reversiones), por ende la calidad del cladograma disminuye conforme lo hace el índice de consistencia. Ya que se presenta una correlación negativa con el número de caracteres y taxones, a mayor número de éstos implica menor el CI (Haro, 2005).

Adicionalmente Paup estima el índice de retención, que es aquel que reduce el sesgo debido a las autopomorfias según Farris (1989) (citado por Haro, 2005). Este índice se puede estimar manualmente con la siguiente fórmula.

$$RI = \frac{(G - S)}{(G - M)}$$

(S) = número de cambios de estado observado en un cladograma particular

(M) = número mínimo de cambios que se pueden producir.

(G) = número de pasos necesarios en el caso del peor camino evolutivo posible: (una politomía que involucre a todos los taxones) o el número de pasos para el carácter en un cladograma sin resolver. Se halla a partir de los estados de cada carácter. Para un carácter determinado, del número de estados presentes 0 ó 1 se elige el que sea numéricamente menor (Haro, 2005).

Por otra parte, los cladogramas de consenso son considerados como cladogramas derivados. Estos clados se construyen a partir de otros, y resumen a un conjunto de cladogramas. Los propósitos principales de este consenso son: unir la información obtenida para la misma filogenia pero realizada con datos diferentes y el otro es para reunir en un solo cladograma la presencia de varios cladogramas al ser los más parsimoniosos en el análisis cladístico (Haro, 2005). El consenso que se utilizó para este proyecto, es el consenso estricto, ya que es el más conservativo entre todos, ya que

solamente se mantienen aquellas partes del cladograma que son idénticas en todos los de origen (Haro, 2005). Estos cladogramas de consenso estricto es también llamado consenso de Nelsen y los dos programas utilizados obtienen este tipo de cladograma.

Objetivos

General

- Establecer relaciones de parentesco dentro de la familia Ranidae s.l. con base en caracteres musculares.

Específicos

1. Identificar posibles sinapomorfias dentro del grupo Ranidae s.l. estudiado.
2. Aprender a utilizar los programas de sistemática (T.N.T. y Paup*).
3. Comparar los resultados con base en cada programa.
4. Ampliar la información digital en internet de la musculatura en Ranidae s.l.

Metodología propuesta

Población de estudio

La matriz de caracteres que se utilizó es proveniente de la Tesis de Doctorado de Hoyos (1999), donde examinó 53 especies pertenecientes a la familia Ranidae (según Dubois, 1992) que se tomaron como el grupo interno y 9 especies como grupo externo y utilizó 77 caracteres musculares, binarios y discontinuos de los miembros anteriores, posteriores, pélvicos, torácicos y cefálicos, de la zona hioidea, dorsal y abdominal (Anexo 1). Los caracteres binarios son recomendados para que se pueda definir el estado del carácter y de esta forma no da información ambigua (Barriel y Tassy 93; en Hoyos 1999). Las muestras proceden de la colección de Laboratorio de Reptiles y Anfibios del Museo Nacional de Historia Natural de París y de la Academia de Ciencias de California (San Francisco, EE.UU.). Además, selecciono al azar dos especies (dentro de los límites de las muestras disponibles) para evaluar una posible variación intraespecífica: diez individuos (cinco machos y cinco hembras) de *Ptychadena mascareniensis* y cinco machos de *Euphlyctis cyanophlyctis*.

Es importante saber cuál es la clasificación que se tiene actual de las familias que fueron utilizadas en este proyecto; según Frost (2011) las familias del grupo externo están clasificadas en **Mantellidae**: MAD; **Arthroleptidae**: OCI, POE; **Phrynobatrachidae**: ACC; **Microhylidae**: PUL, BOU; **Brevicipitidae**: MOS; **Arthroleptidae**: CHR y **Eleutherodactylidae**: MAT.

Adicionalmente los taxones del grupo interno están en: **Ranidae**: TEM, LES, ARV, IBE, DAL, PER, GRA, ALB, GAL, NIG, CHA, TAI, ERY, ESC, PIP, CLA, MON; **Dicroglossidae**: TEN, HAS, CYA, LIM, MAR, BRE, MAG, LAE, OCC, RUG, KUH, LIN, PIL, BLY, VIC, BLA, Y PAR; **Ranixalidae**: GUN; **Ptychadenidae**: MAS, SUP, FLO, TOU, PUJ y ARN; **Pyxicephalidae**: MAM, SUB, ADS y ANG; **Rhacophoridae**: LEU, NIR y RUF; **Petropedetidae**: CRA y ALL; **Mantellidae**: BRA y GOU y **Ceratobatrachidae** VIT.

Estos caracteres que se tienen en una matriz con 62 especies de los cuales 9 conforman el grupo externo (Anexo 2) van a ser corridos por dos diferentes programas de sistemática: T.N.T. y Paup*.

- *Para los primeros dos objetivos específicos*

Con ayuda de los manuales de cada programa, la matriz descrita anteriormente se construyó con los programas de análisis filogenético para que estos los analizaran y de esta manera pudimos conseguir los cladogramas que mostraran las relaciones de parentesco.

TNT

TNT es un programa novedoso para análisis filogenético bajo parsimonia, que proporciona una rápida búsqueda de algoritmos en árboles filogenéticos, así como amplias capacidades para el diagnóstico de árboles, el consenso y la manipulación.

La construcción de la matriz se realizó directamente en el programa. Con las características específicas de la matriz obtenida por Hoyos (1999). Cabe resaltar que no se pudo tomar el grupo externo completo con los 9 taxones ya que no lo permite TNT, es decir solo se utilizó un grupo externo que se escogió al azar y fue MAD (Anexo 1), los otros 8 se dejaron como grupo interno. A esta matriz se le realizó un análisis tradicional que automáticamente TNT realiza, que es la búsqueda tradicional donde utiliza el algoritmo Tree Bisection Reconnection (TRB) y la optimización de Wagner a los cual se le pidió que máximo de 100 árboles como resultado de todas las posibilidades que puede obtener. Adicionalmente se realizó un consenso estricto con el comando (*nelsen*) este con el fin de hacer un resumen de todos los árboles obtenidos. Pero además se obtuvo un cladograma de consenso estricto con MAD como único grupo externo sin incluir los demás taxones de este grupo en el cladograma.

Paup

Para el caso específico de la construcción de la matriz en Paup*, se abrió la matriz que se tenía en formato .txt con Paup, con el formato que muestra el ejemplo abajo,

donde se deja claro el número de caracteres y de taxones que va a componer la matriz, y en la parte inferior se da la posición del grupo externo: en caso que sea el grupo externo un grupo de taxones como el que se utilizó, se anota 1 – 9.

Ejemplo montaje matriz Paup

```
#NEXUS
BEGIN DATA;
Dimension ntax=54 nchar=77;
FORMAT MISSING=? GAP=- symbols="012";

MATRIX

BOU    00001111001111110100000011000010100000000110000101000101100001100011001001011
TEN    00001100101010100000001100100000100010000100110001001111110001101011010001001
VIT    00001011101000110110010100101001000010000100100001001111110001100011000001001
HAS    00001111101110110100000101101001100110110110000011001111100101100010002101011

end;

outgroup 1;
BEGIN ASSUMPTIONS;
OPTIONS DEFTYPE=unord PolyTcount=MINSTEPS;
END;
```

Para el análisis de esta matriz, se utilizan una serie de comandos como *Hsearch*, que es el análisis heurístico que realiza Paup, este análisis es el mismo que realiza TNT automáticamente, con TBR, donde se le puede dar la opción que guarde cierta cantidad de árboles. Para este caso se guardaron 100 del mismo modo que se hizo en TNT. Posterior a obtener los árboles se realizó un consenso estricto (*ConTree*).

- *Para el tercer objetivo específico*

Uno de los análisis que realiza TNT es obtener el listado o mapa de las sinapomorfias. Para obtener el mapa de las sinapomorfias comunes en todos los cladogramas, se obtiene, en la ventana de “Optimize”, “Synapomorphies” y se marca “list or map of common synapomorphies”, ya que da la opción de dar los resultados en forma de lista o cladograma.

- *Para el cuarto objetivo específico*

Se utilizaron los dibujos musculares realizados por Hoyos (1999) los cuales se pasaron a un formato digital utilizando la herramienta *Adobe Illustrator CS5*, para posteriormente actualizar la base de datos de Morphobank.

Adobe Illustrator

Con su precisión y herramientas permitió crear gráficos vectoriales para cualquier tipo de proyecto, como los mostrados en los resultados, para obtener esto, se tomaron los dibujos realizados por Hoyos (1999) y se pasaron a una versión digital utilizando estos como plantilla.

Morpho bank.

Con los dibujos obtenidos con Adobe Illustrator CS5, se actualizó la base de datos de Morpho Bank, que es una de las páginas más importantes e innovadoras para conducir investigaciones filogenéticas en morfología. Permite almacenar imágenes (incluyendo videos) “subidos” por los científicos, y además permite a colaboradores rotular estructuras anatómicas en las imágenes (MorphoBank, 2010).

Resultados:

La matriz utilizada en este estudio esta presentada en el Anexo 2. Los cladogramas más parsimoniosos después de correr la matriz en TNT y realizar la búsqueda tradicional con TRB y la optimización de Wagner fueron 92, con una longitud de 560. Para términos de análisis y discusión de resultados se realizó un consenso estricto (Nelsen) que es el más conservador de todos los consensos. Este consenso mantiene únicamente aquellas partes del cladograma que son idénticas en todos los cladogramas de origen, el resto queda transformado en politomías (Haro, 2005). Este cladograma de consenso estricto se obtuvo con MAD (*Mantella madagascariensis*) como grupo externo (Fig. 1). De igual forma se enraizaron los cladogramas en Paup con MAD como grupo externo ya que este programa si permite utilizar más de un taxón como grupo externo, posteriormente se realizó un consenso estricto (Fig 2).

Al realizar el análisis heurístico en Paup, se obtuvieron 4 cladogramas con una longitud igual a la obtenida en TNT (560); adicionalmente Paup, a diferencia de TNT, obtiene una serie de índices (Consistencia, Homoplasia y Retención).

Índice de consistencia (CI) = 0.1357

Índice de Homoplasia (HI) = 0.8643

Índice de Retención (RI) = 0.4610

Adicionalmente utilizando la herramienta TNT se realizó un análisis completo de las sinapomorfias presentes en el cladograma que incluye todos los grupos externos, en la Fig. 1, se ven los nodos del cladograma para poder ubicarse con el listado de las sinapomorfias según el nodo y el estado del carácter, este listado es el correspondiente al

cladograma donde MAD y el resto de grupos externos se encuentran en él (Caracteres en el Anexo 1).

En el nodo 68 se encuentran las sinapomorfias por los caracteres 4 (0→1), 5 (0→1), 10 (0→1), 48 (1 →0), 52 (0→1) y 54 (0→1).

En el nodo 74 por los caracteres 7 (1 →0) y 75 (0→1).

en el nodo 73 por los caracteres 13 (1 →0), 32 (0→1) y 38 (1 →0)

En el nodo 67 por los caracteres 12 (1 →0) y 35 (1 →0)

En el nodo 66 por el carácter 40 (0→1)

En el nodo 76 por los caracteres 29 (1 →0) y 39 (0→1)

En el nodo 65 por los caracteres 7 (1 →0), 26 (1 →0), 32 (0→1) y 38 (1 →0)

En el nodo 88 por el carácter 42 (01→1)

En el nodo 81 por los caracteres 18 (1 →0), 34 (0→1), 39 (0→1) y 66 (0→1)

En el nodo 84 por los caracteres 54 (0→1), 66 (0→1) y 77 (0→1).

En el nodo 82 por los caracteres 5 (0→1) y 21 (0→1)

En el nodo 75 por los caracteres 21 (0→1), 26 (0→1) y 53 (1 →0)

En el nodo 83 por los caracteres 3 (0→1) y 12 (0→1)

En el nodo 80 por el carácter 8 (1 →0)

En el nodo 79 por los caracteres 16 (1 →0), 56 (1 →0) y 66 (0→1)

En el nodo 86 por los caracteres 9 (1 →0), 36 (0→1) y 45 (0→1)

En el nodo 87 por los caracteres 15 (1 →0), 64 (0→1) y 73 (0→1)

En el nodo 85 por los caracteres 32 (0→1) y 46 (0→1)

En el nodo 64 por el carácter 42 (0→1)

En el nodo 63 por los caracteres 18 (1 →0) 72 (1 →0)

En el nodo 72 por los caracteres 35 (0→1) y 76 (0→1)

En el nodo 71 por los caracteres 60 (0→1) y 71 (0→2)

En el nodo 70 por los caracteres 12 (0→1), 32 (0→1) y 39 (0→1).

En el nodo 78 por los caracteres 32 (0→1), 33 (1 →0) y 36 (0→1)

En el nodo 77 por los caracteres 18 (0→1), 19 (0→1) y 58 (0→1)

Listado de convergencias que se presentaron, cuando el carácter y el estado de carácter se presentaba en más de un nodo.

El Carácter 5 (1) en los nodos 68 y 82

El carácter 76 (1) en los nodos 74 y 72

El carácter 32 (1) en los nodos 73, 70, 78 y 65

El carácter 38 (0) en los nodos 73 y 65

El carácter 39 (1) en los nodos 76, 70 y 81

El carácter 42 (1) en los nodos 88 y 64

El carácter 66 (1) en los nodos 81, 79 y 84

El carácter 21 (1) en los nodos 82 y 75

El carácter 8 (0) en los nodos 74 y 80

El carácter 36 (1) en los nodos 86 y 78

El carácter 18 (1) en los nodos 63 y 81

Listado de las reversiones cuando el carácter se encontró en más de un nodo con diferente estado.

En el nodo 68 el carácter 53 (1) y en el nodo 75 el carácter 53(0)

En el nodo 67 el carácter 35 (0) y en el nodo 72 el carácter 35 (1)

En el nodo 65 el carácter 26 (0) y en el nodo 75 el carácter 26 (1)

En el nodo 67 el carácter 12 (0) y en el nodo 83 el carácter 12 (1)

En el nodo 81 y 63 el carácter 18 (0) y en el nodo 77 el carácter 18 (1)

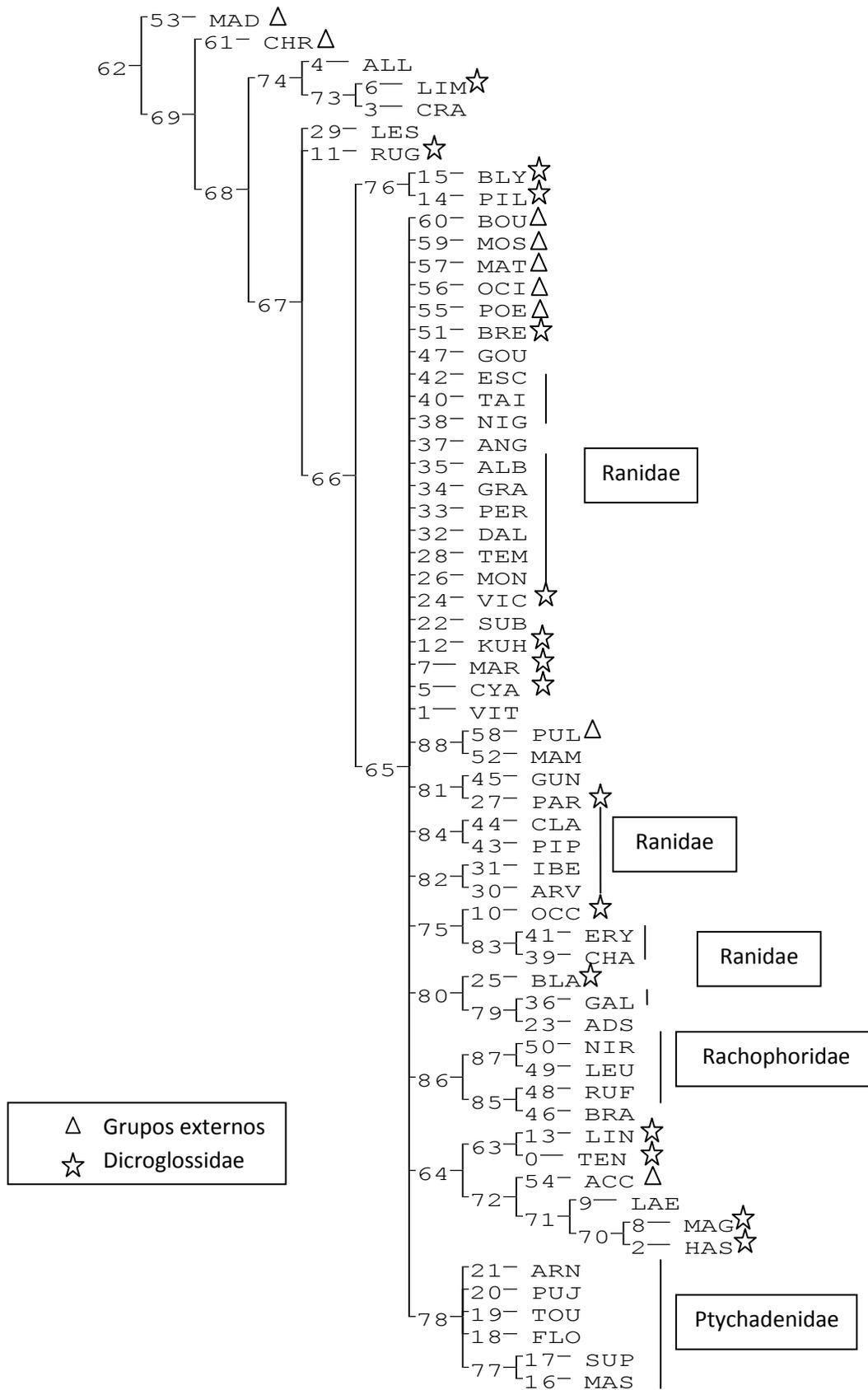
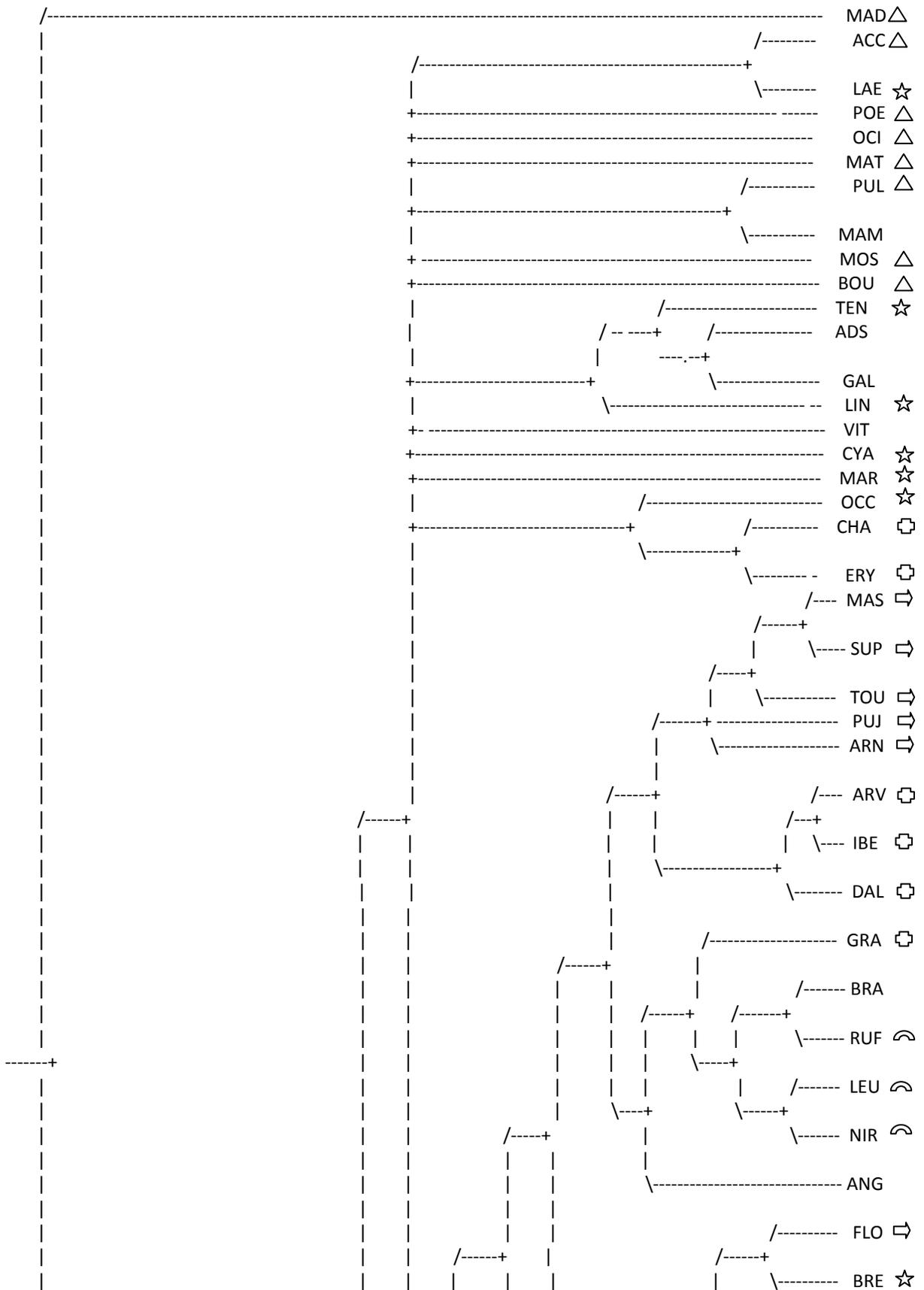


Fig. 1. Consenso estricto de los 92 cladogramas obtenidos con TNT.



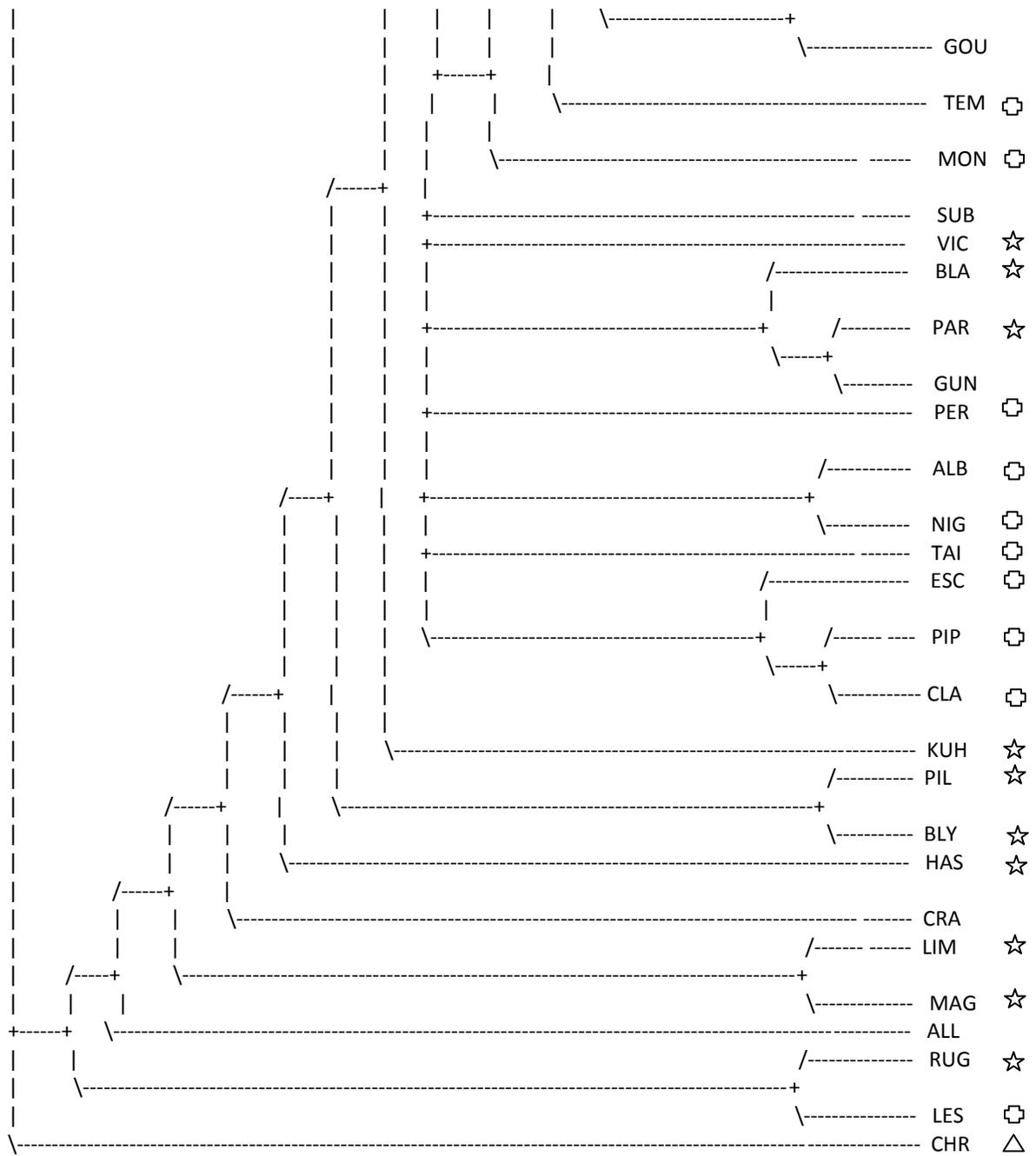


Fig. 2. Consenso estricto de 4 cladogramas obtenidos en Paup.

☆ Dicroglossidae

△ Grupo Externo

⊠ Ranidae s.e.

⇨ Ptychadenidae

⤴ Rhacophoridae

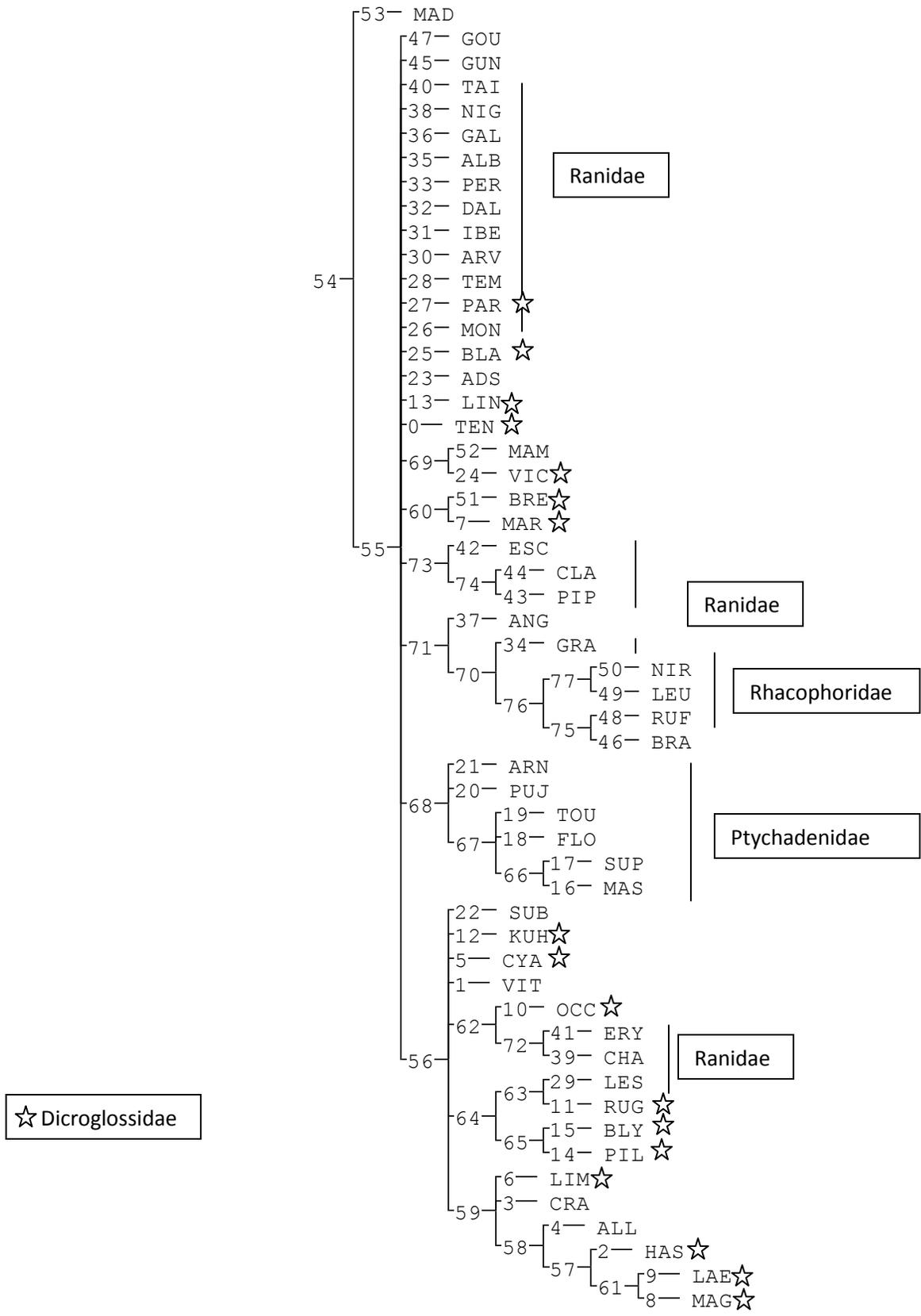


Fig. 3. Consenso con MAD como grupo externo con nodos

Por otra parte, se realizó un análisis completo de las sinapomorfias presentes en el cladograma con MAD como grupo externo, en la Fig. 3

En el nodo 55 no existen autopomorfias

En el nodo 56 por el carácter 33 (1→0)

En el nodo 57 por los caracteres 33 (0→1) 60 (0→1) y 72 (0→1)

En el nodo 58 por los caracteres 13 (0→1) 40 (0→1) 58 (1→0) y 71 (0→2)

En el nodo 59 por los caracteres 8 (1→0) 12 (0→1) 76 (0→1)

En el nodo 60 por los caracteres 19 (0→1) 28 (0→1) 41 (0→1) 50 (1→0) y 51 (0→1)

En el nodo 61 por los caracteres 16 (1→0) 29 (1→0) 36 (1→0) y 46 (0→1)

En el nodo 62 por los caracteres 26 (0→1) y 53 (1→0)

En el nodo 63 por los caracteres 21 (0→1), 24 (1→0) y 27 (1→0)

En el nodo 64 por los caracteres 38 (0→1), 26 (0→1) y 32 (1→0)

En el nodo 65 por los caracteres 29 (1→0) y 39 (0→1)

En el nodo 66 por los caracteres 18 (1→0) 19 (0→1) y 58 (1→0)

En el nodo 67 por los caracteres 2 (0→1) y 24 (0→1)

En el nodo 68 por los caracteres 32 (0→1), 33 (1→0) y 36 (0→1)

En el nodo 69 por los caracteres 26 (0→1) 31 (0→1), 35 (0→1) y 74 (0→1)

En el nodo 70 por los caracteres 5 (0→1) 19 (0→1) y 58 (1→0)

En el nodo 71 por el carácter 13 (1→0)

En el nodo 72 por los caracteres 3 (0→1) y 12 (0→1)

En el nodo 73 por el carácter 48 (0→1)

En el nodo 74 por los caracteres 54 (1→0), 66 (0→1) y 77 (1→0)

en el nodo 75 por los caracteres 32 (0→1) y 45 (0→1)

En el nodo 76 por los caracteres 9 (1→0), 27 (0→1), 33 (1→0), 36 (0→1), 45 (0→1) y 60 (0→1)

En el nodo 77 por los caracteres 15 (1→0), 26 (1→0), 51 (0→1), 61 (0→1), 63 (0→1) y 72 (0→1)

Del mismo modo se obtuvo el listado de convergencias que se presentaron, cuando el carácter y el estado de carácter se presentaba en más de un nodo.

El carácter 33 (0) en los nodos 56, 68 y 76

El carácter 72 (1) en los nodos 57 y 77

El carácter 60 (1) en los nodos 57 y 77

El carácter 58 (0) en los nodos 58 y 70

El carácter 51 (1) en los nodos 60 y 70

El carácter 36 (1) en los nodos 77 y 68

El carácter 26 (1) en los nodos 64, 69 y 77

El carácter 32 (1) en los nodos 68 y 75

El carácter 19 (1) en los nodos 66 y 70

El carácter 58 (0) en los nodos 66 y 70

El carácter 33 (0) en los nodos 68 y 76

Listado de las reversiones cuando el carácter se encontró en más de un nodo con diferente estado.

En el nodo 57 el carácter 33 (1) y en los nodos 56, 68 y 76 el carácter 33(0)

En el nodo 58 el carácter 13(1) y en el nodo 71 el carácter 13 (0)

En el nodo 61 el carácter 36 (0) y en los nodos 77 y 68 el carácter 61 (1)

En el nodo 63 el carácter 24 (0) y en el nodo 67 el carácter 24 (1)

En el nodo 63 el carácter 27 (0) y en el nodo 76 el carácter 27 (1)

En el nodo 64 el carácter 32 (0) y en los nodos 68 y 75 el carácter 32 (1)

En el nodo 77 el carácter 26 (0) y en los nodos 62, 69 y 77 el carácter 26 (1)

Cuarto objetivo específico

Dibujos digitalizados con el fin de mostrar más detalle de los músculos para así aumentar la información digital se muestran en el Anexo 4 Y 5.

Discusión

Análisis Filogenético

Según lo anterior, el análisis realizado en este proyecto coincide de ciertas maneras con la clasificación de Frost (2011) donde se puede identificar el grupo monofilético de la familia Ptychadeninae ie., (Hildebrandtia + Ptycadena), ésta se encuentra soportada en el nodo 78 en la Fig.1 y el nodo 68 de la Fig. 3. Los 6 taxones (ARN, PUJ, TOU, FLO, SUP y MAS) están agrupados, y según las sinapomorfias expuestas en los resultados, comparten los caracteres 32 (1), 33 (0) y 36 (1) (El listado de los caracteres esta presentada en el Anexo 1). Es importante resaltar que este resultado se obtuvo en los dos programas utilizados (TNT y Paup) y coincide con los resultados obtenidos por el estudio de Scott 2005.

Emerson y Berrigan (1993) y Emerson et al. (2000), en su trabajo de filogenia de Ranidae, lograron demostrar una contradicción en la clasificación filogenética de Dicroglossidae realizada por Dubois (1987, 1992). Esta clasificación posteriormente sufrió un cambio significativo por el mismo Dubois (2003), donde varios géneros fueron transferidos de tribus y estas alteraciones han dado como resultado a la familia Dicroglossidae como un grupo parafilético (Scott, 2005), que se ve sustentado en los resultados obtenidos en este estudio, donde en el nodo 64 de la Fig. 3 del consenso estricto de TNT están unidos solo algunos de los taxones pertenecientes a la familia Dicroglossidae por el carácter 42 (1) mostrando una posible relación de parentesco de LIN, TEN, LAE, MAG Y HAS junto con el taxón ACC del grupo externo que pertenece a la familia

Phrynobatrachidae. Los demás taxones no presentaron una relación de parentesco más clara. Por el contrario, los resultados en Paup no coinciden con TNT: las relaciones expuestas anteriormente varían en Paup, en las que solo se muestra una relación clara entre PYL y BLY, LIM y MAG, los demás taxones de la familia Dicoglossidae no tienen una solución clara de parentesco.

Asimismo la familia Pyxicephalinae de origen africano, en el estudio realizado por Emerson y Ward (1998) y Emerson (2000) mostró una morfología y comportamiento característico de las ranas del sureste asiático como invertir el dimorfismo sexual, la territorialidad masculina y cuidado parental. Por este motivo Scott (2005) argumenta que es inconsistente ubicar (*Pyxicephalus* + *Aubria*) en una subfamilia separada, *Pyxicephalidae*, de las ranas Asiáticas, *Dicoglossidae* ya que es posible que *Pyxicephalidae* integra la familia *Dicoglossidae* (Scott, 2005), aunque los estudios que se realizaron para demostrar lo anterior involucraron caracteres de comportamiento y moleculares. En este estudio esta relación no fue evidente ya que los taxones pertenecientes a la familia *Pyxicephalidae* (ANG, MAM y ADS) no mostraron una cercanía con algún taxón de la familia *Dicoglossidae*.

Los resultados y la clasificación anterior reflejan una relación de parentesco entre las familias *Rhacophoridae* y *Mantellidae* fue ya demostrada por Ford (1990), Blommers-Schlösser (1993) y Emerson *et al.* (2000) (citado por Scott 2005) y es ratificada en este estudio, ya que se obtuvo una relación entre NIR, LEU, y RUF que son taxones pertenecientes a la familia *Rhacophoridae* y BRA que es un taxón perteneciente a la familia *Mantellidae* según la clasificación actual de Frost, 2011. Esta cercanía se da por los caracteres 9 (0), 36 (1) y 45 (1) en el nodo 86 de la Fig. 1. Y nodo 76 de la Fig. 3. aunque existe se ve una relación entre RUF de la familia *Rhacophoridae* y BRA de la familia *Mantellidae* ya que comparten los caracteres 32 (1) y 46 (1) en el nodo 85. Sin embargo esta relación no se da en el taxón GOU perteneciente a la familia *Mantellidae*.

Para el caso específico de TNT con la familia *Ranidae* s.s., solo 6 taxones muestran una posible relación de parentesco, CLA y PIP – IBE y ARV – ERY y CHA, mientras que las demás relaciones están sin resolver. Sin embargo, en el consenso estricto de Paup, las relaciones que muestra son diferentes a las obtenidas en TNT, tanto en la familia *Ranidae* s.s. donde se ve una relación entre ARV, IBE y DAL - ALB y NIG - ESC, PIP y CLA. Como en *Dicoglossidae* donde se muestra una relación entre PIL y BLY – LIM y MAG – y un grupo parafilético entre BLA – PAR y GUN, donde éste último pertenece a la familia *Ranixalidae* según Frost, 2011.

Según los resultados obtenidos en Paup, existe un alto nivel de homoplasias (HI) = 0.8643, es decir convergencias o reversiones, esto se puede ratificar en el listado de

sinapomorfias, convergencias y reversiones, expuesto anteriormente, aunque los cladogramas obtenidos en TNT resultaron similares, las sinapomorfias que se presentaron en los dos cladogramas varían en su mayoría, ya que no toman los mismos caracteres para resolver los cladogramas, pero aun así se presentan bastantes homoplasias.

Por otra parte, al analizar solamente los resultados obtenidos entre los cladogramas de TNT, Fig. 1 y Fig. 3, donde en el primero de estos se utilizan todos los taxones del grupo externo (pero solo se enraíza por MAD), y en el segundo solo se utiliza el taxón MAD como grupo externo, se puede apreciar que no varían mucho los resultados, entre estos, ya que se presentan casi las mismas relaciones monofiléticas en los dos cladogramas, como por ejemplo CLA y PIP – HAS, LAE y MAG de la familia Dicroglossidae, BLY y PIL – CLA y PIP - ERY y CHA de la familia Ranidae s.s. los demás taxones de esta familia no se resolvieron. Adicionalmente la relación de la familia Rhacophoridae conformada por NIR, LEU y RUF con el taxón BRA de la familia Mantellidae se presenta en los dos cladogramas de TNT. de igual forma la relación entre ALL y CRA de la familia Petropedetidae con el taxón LIM de la familia Dicroglossidae.

Posiblemente, como en este proyecto se utilizó exactamente la misma matriz que Hoyos (1999) y la clasificación de la familia Ranidae *s.l.* ha cambiado desde entonces, esto pudo llevar a que en los cladogramas no presenten varios taxones con una relación específica, como en el caso de VIT que pertenece a la familia Ceratobatrachidae y en el cladograma muestra una relación con los taxones KUH y CYA de la familia Dicroglossidae, al mismo tiempo, SUB de la familia Pyxicephalidae también deja una incógnita grande al resultar MAM de ésta familia relacionada con VIC de la familia Dicroglossidae. Con respecto a lo anterior, sería interesante correr esta matriz en los programas que se utilizaron sin estos taxones, o aumentar el número de taxones de estas familias (Pyxicephalidae y Ceratobatrachidae) para ver si los resultados pueden obtener unos cladogramas más resueltos que los presentados en las hipótesis anteriores.

TNT y Paup

Al utilizar los dos programas para la obtención de la aproximación filogenética de la familia Ranidae *s.l.*, se pudo apreciar las ventajas y desventajas de cada uno de los programas. Para empezar, TNT presenta ventajas como una barra de herramientas (Fig. 4) donde se puede realizar los análisis más rápidos, sin necesidad de aprenderse los comandos para la ejecución de acciones, como pasa en Paup, aunque TNT también tiene una serie de comandos en caso de no encontrar alguna aplicación en las ventanas que ofrece, se puede digitar “help” y así se obtiene el listado de comandos, de igual forma se realiza en Paup.



Fig. 4. Barra de herramientas

Una de las grandes desventajas que presenta TNT, es que no permite más de un taxón como grupo externo, de este modo la comparación en matrices de gran tamaño no da la información que si da el utilizar varios grupos externos para el análisis filogenético. Paup sí permite utilizar varios taxones como grupo externo aunque no enraíza por todos, si polariza los caracteres del grupo externo para el análisis, es decir deja los taxones del grupo externo cercanos al taxón por el cual se enraíza el cladograma. Para este estudio se enraizó por MAD. Adicionalmente, TNT no obtiene índices de consistencia, homoplasia o retención; a diferencia de Paup que si los obtiene cuando se le pide la descripción de los cladograma.

Para el análisis de las sinapomorfias el programa más útil es TNT, ya que realiza un análisis completo de las sinapomorfias presentes tanto en el cladograma de consenso estricto como en todos los cladogramas obtenidos. Estos resultados exponen el nodo de ubicación y la transformación del estado del carácter.

Conclusiones

Aunque con el análisis realizado se obtuvieron relaciones de parentesco de la familia Ranidae s.l. , es importante realizar más estudios que incluyan mayor numero de taxones y de caracteres para de estar formar podernos aproximar más a una posible solución a la incógnita que generan las relaciones de parentesco en la familia Ranidae s.l. mas específicamente, queda claro que la familia Ranidae s.s. necesita aún más análisis filogenéticos para poder resolver aun mas la relaciones de parentesco que existen

Es importante saber el tipo de análisis que se va a realizar en una investigación para así poder escoger las herramientas más apropiadas para la obtención de resultados ya que como cada uno de los programas trabaja puntos específicos que ayudan a la solución de las incógnitas filogenéticas.

Bibliografía Orden de citación

1. Hoyos, JM., Phylogenie des Ranidae (Amphibia, Anura). Tesis Doctoral. Muséum National D'histoire Naturelle. 1999.

2. MorphoBank P. The morphobank project. <http://www.morphobank.org/> Consultado el 1 de Julio de 2011.
3. Scott, E., A phylogeny of ranid frogs (Anura: Ranoidea: Ranidae), based on a simultaneous analysis of morphological and molecular data. *Cladistics*; 2005; **21**: 507–574.
4. Frost, D. Amphibian Species of the World: an Online Reference. Version 5.5 <http://research.amnh.org/vz/herpetology/amphibia/> consultado el 12 de Junio de 2011.
5. Hoyos JM., Historia de la clasificación de los anuros con especial énfasis en la familia Ranidae. *Universitas Scientiarum*; 2004; **9** 7-17
6. Charles, D.S., Calor, A. Using the logical basis of phylogenetics as the framework for teaching biology. *Papeis avulses de Zoologia (Sao Paulo)*., 2008
7. Kitching, I.J., Forey, P., Humphries, J., Williams, D.M., The theory and practice of parsimony analysis. *Cladistics*. Second Edition. Oxford University Press. 1998.
8. Dubois, A. *Miscellanea taxinomica batrachologica (I)*. *Alytes*. 1986 [1987]; **5**: 7–95.
9. Dubois, A., 1992., Notes sur la classification des Ranidae (Amphibiens: Anoures). *Bulletin Mensuel de la Société Linnéenne de Lyon*., 1992; **61**: 305–352.
10. Goloboff, P., Farris, S., Nixon, K., TNT. <http://www.zmuc.dk/public/phylogeny/tnt/> consultado el 01 de Julio de 2011.
11. Swofford, D. Paup*. <http://paup.csit.fsu.edu/about.html> consultado el 17 de Junio de 2011
12. Emerson, S.B., Berrigan, D., Systematics of Southeast Asian ranids: Multiple origins of voicelessness in the subgenus *Limnonectes* (Fitzinger). *Herpetologica*, 1993; **49** , 22 – 31
13. Emerson, S.B., Inger, R.F., Iskandar, D., Molecular Systematics and Biogeography of the Fanged Frogs of Southeast Asia. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2000; **16**, 131 – 142.

14. Dubois, A., True Frogs (Ranidae). In: Hutchins, M., Duellman, W.E., Schlager, N (Eds.), Grzimek's Animal Life Encyclopedia 6. Farmington Hill, MI, Gale Group, 2003; pp. 245 – 264.
15. Haro, J.J.. Métodos de Cladismo y Cladismo Estructural. Consultado en http://perso.wanadoo.es/jjdeharo/sistematica/curso/s6.htm#_Toc471623654, 2005; el 30 de Octubre de 2011.

ANEXO 1

Listado de Caracteres musculares

(1) Origen del *M. semimembranosus*

0. Carnosa.
1. Tendinosa.

(2) Partes del *M. semimembranosus*

0. El *M.semimembranosus* está compuesto de una sola parte.
1. El *M.semimembranosus* está compuesto de dos partes.

(3) Origen del *M. subcutaneus femoris*

0. Por medio de un tendón largo central, posterior a la base del músculo cloacal.
1. Directamente debajo (ventralmente) del músculo cloacal por medio de un tendón corto.

(4) Origen del *M. tensor de la fascia latae*

0. Su origen contiene una sola cabeza.
1. Su origen contiene dos cabezas.

(5) Origen del *M. tensor de la fascia latae* al nivel del ilion

0. A la extremidad proximal (anterior) del ilion, cerca del origen del *M. gluteus*.
1. Sobre la cara ventro-lateral de l'*ala ossis ilei*, al nivel distal (posterior) del ilion.

(6) Inserción del *M. tensor de la fascia latae*

0. Al *M. vastus internus*.
1. Al *Mm vastus internus y vastus externus*.

(7) División del *M. vastus internus*

0. El *M. vastus internus* está dividido de manera dorsal y proximal.

1. El *M. vastus internus* es entero.

(8) Inserción del *M. sartorius*

0. Al hueso tibiofibula por medio del tendón del *M. semitendinosus* y al aponeurosis del *M. vastus internus*.

1. Independiente del hueso tibiofibula.

(9) Disposición del tendón de inserción del *M. sartorius*

0. Su tendón de inserción atraviesa ventralmente el *M. adductor magnus caput ventralis*.

1. Su tendón de inserción no atraviesa ventralmente el *M. adductor magnus caput ventralis*.

(10) Relación entre el *M. iliofibularis* y el *M. vastus externus*

0. El *M. iliofibularis* está parcialmente recubierto por el *M. gluteus magnus*.

1. El *M. iliofibularis* está completamente recubierto por el *M. gluteus magnus*.

(11) Origen del *M. flexor tibialis magnus*.

0. Por un tendón largo y delgado.

1. Directamente sobre el pubis por un tendón ancho.

(12) Tendones de inserción del *M. flexor tibialis magnus*

0. Por dos tendones.

1. Por un tendón debajo del aponeurosis del *M. sartorius*.

(13) Inserción del *M. pectineus*

0. Sobre la mitad proximal del fémur.

1. Sobre la mitad distal del fémur.

(14) Origen del *M. iliofemoralis*

0. Ligado al tendón del *M. iliofibularis*.

1. Independiente del *M. iliofibularis*.

(15) Inserción del *M. adductor magnus caput dorsalis*

0. Sobre una parte de la mitad proximal y toda la mitad distal del borde dorso-medio del fémur.

1. Justo en la mitad distal del borde dorso-medio del fémur.

(16) Inserción del *M. adductor magnus caput ventralis*

0. A partir de la mitad proximal del borde ventro-medio del fémur y recubriendo la mitad distal de este.

1. Justo en la mitad distal del borde ventro-medio del fémur.

(17) Relación entre el *M. adductor magnus caput ventralis* y el *M. sartorius*

0. El *M. adductor magnus caput ventralis* está cubierto parcialmente por el *M. sartorius*.

1. El *M. adductor magnus caput ventralis* no está recubierto por el *M. sartorius*.

(18) Relación entre los dos *capiti* del *M. adductor magnus*.

0. Las dos partes están parcialmente separadas.

1. Las dos partes están completamente separadas.

(19) Origen del *M. adductor brevis*

0. Parcialmente dorsal respecto al origen del *M. adductor magnus caput ventralis*.

1. Lateralmente respecto al origen del *M. adductor magnus caput ventralis*.

(20) Inserción del *M. adductor brevis*

0. Sobre la mitad proximal del borde ventral del fémur.

1. Sobre la mitad distal del borde ventral del fémur.

(21) Recubrimiento del *M. adductor brevis* por el *M. sartorius*

0. El *M. adductor brevis* está parcialmente recubierto por el *M. sartorius*.

1. El *M. adductor brevis* está completamente recubierto por el *M. sartorius*.

(22) Origen del *M. glutaeus*

0. Al nivel de la mitad proximal (anterior) del ilion.

1. Al nivel de la mitad distal (posterior) del ilion.

(23) Relación entre el *M. glutaeus* y el *M. obliquus internus*

0. El *M. glutaeus* nace debajo del *M. obliquus internus*.

1. El *M. glutaesus* nace yuxtapuesto al *M. obliquus internus*.

(24) Relación entre el tendón de origen del *M. adductor magnus caput ventralis* y el *M. semitendinosus*

0. El tendón de origen de la porción ventral del *M. semitendinosus* abre (?) el *M. adductor magnus caput ventralis*.

1. El tendón de origen de la porción ventral del *M. semitendinosus* separa los *capiti dorsalis* y *ventralis* del *M. adductor magnus*.

(25) Origen de la *pars sternalis* del *M. deltoideus*

0. Esta saca sus fibras al nivel de la extremidad anterior del omosternum.

1. Esta saca sus fibras al nivel subterminal anterior del omosternum.

(26) Relación entre el *M. coracoradialis* y la *pars episternalis* del *M. deltoideus*

0. La *pars episternalis* del *M. deltoideus* está ligada a la extremidad proximal del *M. coracoradialis*.

1. La *pars episternalis* del *M. deltoideus* no está ligada a la extremidad proximal del *M. coracoradialis*.

(27) Relación entre el *M. deltoideus* y el origen del *M. flexor carpi radialis*

0. El *M. flexor carpi radialis* recubre el *M. deltoideus* al nivel de la inserción de este sobre el húmero.

1. El *M. flexor carpi radialis* no recubre el *M. deltoideus* al nivel de la inserción de este sobre el húmero.

(28) Origen del *M. flexor carpi ulnaris*

0. Común al origen del *M. flexor digitorum*

1 Independiente al origen del *M. flexor digitorum*.

(29) Relación entre los *Mm. flexor carpi ulnaris* y *flexor carpi radialis*

0. Estos son independientes.

1. Estos están parcialmente ligados.

(30) Origen del *M. pronator teres*

0. Entre el *Mm. flexor carpi radialis* y el *Mm. flexor carpi ulnaris*.

1. Dorsal con respecto al *M. flexor carpi ulnaris*.

(31) Origen del *M. gastrocnemius*

- 0. Por dos cabezas.
- 1. Por una cabeza.

(32) Inserción del *M. peroneus*

- 0. Por medio de dos tendones.
- 1. Por medio de un tendón.

(33) Origen del *M. tibialis anticus*

- 0. Este músculo está cubierto en su origen por el *M. peroneus*.
- 1. Este músculo está al lado del *M. peroneus* al origen.

(34) Inserción del *M. peroneus inferior*

- 0. Sobre el hueso *tibiale*, al nivel anterior de la porción media del *M. tibialis anticus*.
- 1. Sobre el hueso *tibiale*, al nivel dorsal y posterior de la porción media del *M. tibialis anticus*.

(35) Inserción del *M. popliteus*

- 0. Este músculo recubre parcialmente el borde antero-ventral del tibiofibula sin llegar al maléolo de este.
- 1. Este músculo recubre todo el borde antero-ventral del tibiofibula, llegando al maléolo de este.

(36) Origen del *M. popliteus*

- 0. El *M. popliteus* saca sus fibras cerca del punto de origen del *M. tibialis anticus* .
- 1. El *M. popliteus* saca sus fibras cerca del *M. peroneus*.

(37) Inserción del *M. tibialis posticus*

- 0. Sobre el maléolo del tibiofibula.
- 1. Sobre el hueso tibial.

(38) Cabezas de inserción del *M. extensor carpi radialis*.

- 0. Por una cabeza.
- 1. Por dos cabezas.

(39) Origen del *M. abductor indicis longus*

0. Por una cabeza.

1. Por dos cabezas.

(40) Origen del *M. epitrochleocubitalis*

0. Parcialmente ligado al *M. flexor digitorum*

1. Independiente del *M. flexor digitorum*.

(41) Disposición transversal de fibras del *M. submaxillaris*

0. Discontinuas, con una "*linea alba*" en la mitad.

1. Continuas, sin "*linea alba*".

(42) Origen del *M. abductor brevis dorsalis V*

0. Recubriendo parcialmente el hueso "fibulare".

1. Recubriendo completamente el hueso « fibulare ».

(43) Relación entre los *Mm. popliteus y tibialis posticus*

0. Los *Mm. popliteus y tibialis posticus* están en contacto sobre el tibiofibula.

1. Los *Mm. popliteus y tibialis posticus* no están en contacto sobre el tibiofibula.

(44) Cabezas del origen del *M. vastus externus*

0. El *M. vastus externus* tiene una sola cabeza al origen.

1. El *M. vastus externus* tiene dos cabezas al origen.

(45) *M. adductor longus*.

0. *M. adductor longus* presente.

1. *M. adductor longus* ausente.

(46) Parte accesoria del *M adductor magnus*.

0. El *M. adductor magnus* presenta una porción accesoria.

1. El *M. adductor magnus* no presenta una porción accesoria.

47. *M. cutaneus dorsalis*.

0. El *M. cutaneus dorsalis* presente.

1. El *M. cutaneus dorsalis* ausente.

(48) *M. cutaneus pectoris*.

0. El *M. cutaneus pectoris* presente.

1. El *M. cutaneus pectoris* ausente.

(49). Relación entre el *M. cutaneus pectoris* y el *M. rectus abdominis*.

0. El *M. cutaneus pectoris* está parcialmente ligado al *M. rectus abdominis*.

1. Le *M. cutaneus pectoris* está completamente discreto (?).

(50). Relación entre el *M. pectoralis abdominalis* y el *M. rectus abdominis* .

0. El *M. pectoralis portio abdominalis* está ligado proximalmente al *M. rectus abdominis*.

1. Le *m. pectoralis portio abdominalis* monta proximalmente el *M. rectus abdominis*.

(51) Relación entre le *M. coracoradialis* y la *pars epicoracoidea* del *M. pectoralis*.

0. El *M. coracoradialis* es dorsal respecto a la *pars epicoracoidea* del *M. pectoralis*.

1. El *M. coracoradialis* está yuxtapuesta respecto a la *pars epicoracoidea* del *M. pectoralis*.

(52) Relación entre las *partes sternalis* y *epicoracoidea* del *M pectoralis*.

0. La *pars sternalis* del *M. pectoralis* dorsal respecto a la *pars epicoracoidea*.

1. La *pars sternalis* del *M. pectoralis* está yuxtapuesta respecto a la *epicoracoidea*.

(53). Relación entre les *Mm submaxillaris* et *lingualis*.

0. El *M. submaxillaris* no se inserta sobre el *M. lingualis* pero si lo hace al borde de este.

1. El *M. submaxillaris* no se inserta sobre el *M. lingualis*.

(54). El *M. submaxillaris*

0. Los *M. submaxillaris* de cada lado entran en contacto sobre el *M. lingualis*.

1. Los *M. submaxillaris* de cada lado no entran en contacto sobre el *M. lingualis*.

(55). Los fibras musculares accesorios del *M. submaxillaris*.

0. El *M. submaxillaris* tiene haces accesorios del *M. submaxillaris* .

1. El *M. submaxillaris* no tiene haces accesorios.

(56). Relación entre los *Mm. submaxillaris* y *subhyoideus*.

0. Los *Mm. submaxillaris* y *subhyoideus* se superponen.

1. Los *Mm. submaxillaris* y *subhyoideus* se ligan.

(57). El *M. subhyoideus*

0. El *M. subhyoideus* es plegado.

1. El *M. subhyoideus* no es plegado.

(58). Relación entre los *Mm. submaxillaris* y *subhyoideus* al nivel lateral.

0. Los *Mm. submaxillaris* y *subhyoideus* están lateralmente separados.

1. Los *Mm. submaxillaris* y *subhyoideus* no están lateralmente separados.

(59). Fibras del *M. lingualis*.

0. El *M. lingualis* está formado de un solo haz de fibras transversas.

1. El *M. lingualis* está formado de dos haces de fibras transversas.

(60). *M. geniohyoideus*.

0. Las dos *partes* del *M. geniohyoideus* están separadas en la extremidad proximal (anterior).

1. Las dos *partes* del *M. geniohyoideus* están separadas en la extremidad proximal (anterior).

(61) Relación entre el *Mm. pterygoideus* y *temporalis*.

0. El *M. pterygoideus* está dorsalmente yuxtapuesto en relación con el *M. temporalis*.

1. El *M. pterygoideus* y el *M. temporalis* no se tocan.

(62) Relación entre los músculos externos del ojo y el *M. pterygoideus*.

0. El *M. pterygoideus* está parcialmente recubierto por los músculos externos del ojo.

1. El *M. pterygoideus* no está recubierto por los músculos externos del ojo.

(63) Origen del *M. pterygoideus* sobre el hueso frontopariétal.

0. El *M. pterygoideus* tiene su origen al nivel ventral del hueso fronto-pariétal.

1. El *M. pterygoideus* tiene su origen sobre el borde lateral del hueso fronto-pariétal.

(64) Origen del *M. temporalis* sobre el hueso frontopariétal.

0. El *M. temporalis* tiene su origen sobre la superficie dorsal del hueso fronto-pariétal y sobre el hueso prootítico.

1. El *M. temporalis* tiene su origen sobre el borde anterior de la extremidad posterior del

hueso fronto-parietal y sobre el hueso prootítico.

(65) Relación entre los *Mm. Temporalis* y *serratus minor*.

0. El origen del *M. temporalis* está recubierto por el *M. serratus minor*.

1. El origen del *M. temporalis* no está recubierto por el *M. serratus minor*.

(66). Relación entre el *M. temporalis* et las fibras *fascialis* del *M. depressor mandibulae externus*.

0. El *M. temporalis* está parcialmente recubierto por las fibras *fascialis* del *M. depressor mandibulae externus*.

1. El *M. temporalis* no está recubierto por las fibras *fascialis* du *M. depressor mandibulae externus*.

(67). Traayecto de la rama mandibular del nervio trigémino (Ver Hoyos, 1998).

0. Condición "S".

1. Condición "E".

(68). Relación entre los *Mm. buccinator* y el *temporalis*. (Voir Hoyos, 1998).

0. El *M. buccinator* recubre parcialmente el *M. temporalis*.

1. El *M. buccinator* recubre completamente el *M. temporalis*.

(69). Relación entre el *anulus tympanicus* y el ojo.

0. El *anulus tympanicus* no toca el borde posterior del ojo.

1. El *anulus tympanicus* toca el borde posterior del ojo.

(70). Relación entre el *anulus tympanicus* y el maxilar.

0. El *anulus tympanicus* toca el maxilar.

1. El *anulus tympanicus* no toca el maxilar.

(71). Partes del *M. depressor mandibulae*.

0. El *M. depressor mandibulae* contiene los *Mm. depressor mandibulae externus* e *internus*.

1. El *M. depressor mandibulae* solo contiene el *M. depressor mandibulae externus*.

2. El *M. depressor mandibulae* solo contiene las *fibras fascialis* de los *Mm. depressor mandibulae externus* y *depressor mandibulae internus*.

(72). Relación entre los *Mm. palmaris brevis* y *flexor digitorum*.

0. El *M. palmaris brevis* se inserta dorsalmente, sobre la *aponeurosis palmaris*, en relación con el *M. flexor digitorum*.

1. El *M. palmaris brevis* se inserta parcialmente de manera dorsal, sobre la *aponeurosis palmaris*, y parcialmente de manera ventral en relación con el *M. flexor digitorum*.

(73). Número de cabezas de inserción del *M. flexor digitorum*.

0. Uno solo.

1. Dos.

(74). Número de tendones de inserción del *M. flexor digitorum*.

0. Dos tendones de inserción.

1. Un tendón de inserción.

(75). Relación entre el *M. latissimus dorsi* y el *M. obliquus externus*.

0. El *M. latissimus dorsi* está parcialmente superpuesto al *M. obliquus externus*.

1. El *M. latissimus dorsi* está yuxtapuesto al *M. obliquus externus*.

(76). Relación entre las *fibrae fascialis* del *M. depressor mandibulae externus* del *M. depressor mandibulae* y sus músculos adyacentes.

0. La *pars de las fibrae fascialis* del *M. depressor mandibulae externus* cubren completamente el *M. dorsalis scapulae* y parcialmente el *M. latissimus dorsi*.

1. Las *fibrae fascialis* del *M. depressor mandibulae externus* solo recubren el *M. dorsalis scapulae*

(77). Relación entre las *fibrae fascialis* del *M. depressor mandibulae externus* y el *M. obliquus externus*.

0. Las *fibrae fascialis* del *M. depressor mandibulae externus* están en contacto con el *M. obliquus externus*

1. Las *fibrae fascialis* del *M. depressor mandibulae externus* no en contacto con el *M. obliquus externus*.

ANEXO 2

Matriz músculos con 77 caracteres y 62 taxones incluyendo los 9 de grupo externo

TEN	00001100101010100000001100100000100010000100110001001111110001101011010001001
VIT	00001011101000110110010100101001000010000100100001001111110001100011000001001
HAS	00001111101110110100000101101001100110110110000011001111100101100010002101011
CRA	00011110101100110000000101100001000110000100000001001111110000100011000001011
ALL	0000110010111011010110010110101001111101010000001001111100000100011002001011
CYA	0000110010100011010000110010100100011001001000000101111110001100011100101000
LIM	00101010101100100100100100100100100111000100000001001011110001101011100001011
MAR	0000100110111011011000010011110110101000110000000011111110001101011000101000
MAG	00001110101110100100100100100001101010101100010010001011?10100100011002101010
LAE	00001011101010000110000000100000101010010100010001001111100101100011002101011
OCC	00001100101010110010100101101000000110010010000001000111110001100011000101011
RUG	00001111101000010000100001001000000111000110000001001111100000100111002001001
KUH	0001110010101011010000010010100100011011011001000110111110101100011000101001
LIN	00001110101110100000001100101000100010110110010001001111110001100011000001001
PIL	00001111101010110100000101100000000111110110010001101111110001100011000101001
BLY	00001110101000110101001101100000000111110010000001001111110001100110000001001
MAS	01100000100?0100010100100001001000110000010010001001111100101100111000001?01
SUP	01100000100000100010000100001001000110000010010001001111100001100011000001001
FLO	01000000100110110100000100011001000111010010110001001111110000100111010001001
TOU	01100010100100100100000100011001010110000010010011010111110000100111000001011
PUJ	00000011100010100100000000001101000110000010000001001111110001101111000001011
ARN	00100000100010100100000001001101000110000010010011001111110000100111000001011
SUB	00001101101010100110000110100001010100010110000000001111110001100011000001011
ADS	00001100101100000010001110000101000010010110000001011010110001011111010001001
VIC	00001111101010110000001111000011101000100100000001001111100001100011010001101
BLA	00001100100110110100001010000001110010000000010001001011100001100011010001001
MON	000000011001001100?0001000001000000010000110000001001111100101100011010001001
PAR	0000100110011011000001101010100111001010010000000111111100011100111??1001001
TEM	00000000100110110100001001001000100011000110010001001111110001100010000001001
LES	00001111101010110100101001001000000111000100000001001111110001100011000001001
ARV	00001000100110100000100000?01?00100010000010010001101111100011000110000001001
IBE	00001100100110110100110000?00000100010?00010010000101111100001100111010001011
DAL	0000000010011010010000010000100010001100001000000111111110001100111000001011
PER	0000110110101011010000?00010100010001?000010000001001111100001100011000101001
GRA	00101001100100100110000001001000110010000010000011001111100000100010010001000
ALB	0000110110100010011000100110100010001000001000100110111110101101011010100001
GAL	000011001010101001000111100010001000100000100000001001110000001100110010001001
ANG	0000010110000000010000000?000000100010010010000001011011111000100111002001001
NIG	000011011010101101001?1100?01?00100011000010000001?00111110101100011000101001
CHA	00101000101110110110101111100000000110100010010001100111110001100011000101001
TAI	00001101101110110100101100101000100010000010010001101111100001100010102101001
ERY	001011011001101101001001101101000000110000010000011000111110001100011002101000
ESC	00000100101010100110000100001000100010000010000011011111100011000100000101001
PIP	0000110010101011010010010000100010001010000100000?0110111?0101100110102101000
CLA	000011011000101?0100100100001000000011??001000001100101111000110011?100101100
GUN	00001011101110100010000000010001110010100000111001110111100001100111100001001
BRA	00001001001100101010000001101001000101000010111001000111100100100011000001001
GOU	00000001100110110000000001001000100110000010110001001111110001100111011011001
RUF	000010010001001001100000111101010001100000010110001001111100100100011000101001
LEU	00100101001000000010001000101100001011000001010000110111110101011111000011001
NIR	00001001000100000110100000101100000110000010100011101111100101110111010011001
BRE	00001001101110111110111110110001001110111100000010111111100100111010001001
MAM	001??0110110111010000110100001111101101000000001011111000000100111010001101

Grupos externos

MAD	0000001110011011000000010010?000?01?110001000000110001011000??01011010001001
ACC	0000111110101010010000?1001010001?1010000100010011000111100001100011100101011
POE	0000101110111010010010?1001010011010101001000001?1100101100101100011010011011

OCI	0000101110111010011?01101?010010011100001000001?1001101100001100011012001000
MAT	000010001000101001101010001011011000100001000011?1001111100001100001010101101
PUL	001??011001101101100011?0100111001000010001000101101110100100100111000011001
MOS	001??011011111001000100?0100001101000110100000101101101100101100011010001001
BOU	00001111001111110100000011000010100000000110000101000101100001100011001001011
CHR	000000110001?01?0?1?000011101000001111000100110111000101100000100011000000001

ANEXO 3

LISTADO DE LAS ESPECIES

Taxones del grupo externo separados por familias actuales según (Frost, 2011)

Mantellidae:

MAD: *Mantella madagascariensis* (MNHN 1931.14, 1991.1807. Madagascar).

Arthroleptidae:

OCI: *Astylosternus occidentalis* (MNHN 1995.3208, 1995.3211. Liberia)

POE: *Arthroleptis poecilonotus* (MNHN 1979.1818, 1979.1829. Côte d'Ivoire)

Phrynobatrachidae:

ACC: *Phrynobatrachus accraensis* (MNHN 1970.119, 1970.134. Nimba, Guinée),

Microhylidae

PUL: *Kaloula pulchra* Gray, 1831 (MNHN 1986.2771. Khao Chong, Thaïlande; 1988.4362. Localité inconnue).

BOU: *Anodonthyla boulengeri* (MNHN 1973;611, 1973;692. Madagascar)

Brevicipitidae

MOS: *Breviceps mossambicus* Peters, 1854 (MNHN 1995.9910. Amanie, Tanzanie)

Arthroleptidae:

CHR: *Leptopelis christyi* (Boulenger, 1912)

Eleutherodactylidae:

MAT: *Eleutherodactylus martinicensis* (Tschudi, 1837)

Taxones grupo interno separados por familias actuales según (Frost, 2011)

Ranidae

TEM: *Rana (Rana) temporaria* Linnaeus, 1758 (MNHN 1988.7883, 1988.7888. Mauerbach, Autriche; 1985.5727. Aube, Parc Naturel Regional de la Fôret, l'Orient, France);

LES: *Rana (Pelophylax) lessonae* Camerano, 1882 (MNHN 1991.167, 1995.9770, 1995.9770. Fontainebleau, France);

ARV: *Rana (Rana) arvalis* Nilsson, 1842 (MNHN 1982.2201, 1982.2213. Pologne, Fôret de Puszcza, Kampinosk Nordl, Kampinos; 1982.2156);

IBE: *Rana (Rana) iberica* Boulenger, 1879 (MNHN 1970.1074, 1970.1078. Portugal, Fonte Fria, fôret de Buçao);

DAL: *Rana (Rana) dalmatina* Bonaparte, 1840 (MNHN 1988.7106. Aube, Parc Naturel Regional de la fôret, l'Orient, France);

PER: *Rana (Pelophylax) perezi* Sloane, 1885 (MNHN 1981.536, 1981.543; 1980.1013. Seine et Marne, Fôret de Fontainebleau, Mare du Carrefour de l'Occident);

GRA: *Rana (Rana) graeca* Boulenger, 1891 (MNHN 1985.2431, 1985.2460. Grèce, Peloponissos, Lakonia Oros Taigetos);

ALB: *Rana (Amnirana) albolabris* Hallowell, 1856 (MNHN 1989.764, 1989.793. Afrique; 1989.4148, 1985.4197. Tové, Togo);

GAL: *Rana (Hydrophylax) galamensis* Duméril et Bibron, 1841 (MNHN 1979.7143. Klouto, Togo);

NIG: *Rana (Sylvirana) nigrovittata* (Blyth, 1855) (MNHN 1997.4043, 1997.4044, 1997.4045, 1997.4046. Laos);

CHA: *Babina chapaensis* *Rana (Nidirana) chapaensis* (Bourret, 1937) (MNHN 1938.64. Tonkin, Chapa, Vietnam); Not found

TAI: *Rana taipehensis* (Van Denburgh, 1909) (MNHN 1987.3404, 1987.3416. Thaïlande, Khao Yai);

ERY: *Rana (Hylarana) erythraea* (Schlegel, 1837) (MNHN 1988.4330, 1988.7467. Localité inconnue);

ESC: *Pelophylax lessonae* (Camerano, 1882) *Rana (Pelophylax) kl. esculenta* — Dubois, 1992 *Rana (Pelophylax) kl. esculenta* Linné, 1758 (1856T); (Not found)

PIP: *Rana (Pantherana) pipiens* Schreber, 1782 (MNHN 1997.4901-4902. Amérique du Nord);

CLA: *Rana (Aquarana) clamitans* (Latreille, 1801) (MNHN 1997.4903-4904. Amérique du Nord); **MON:** *Amolops monticola* (Anderson, 1871) (MNHN 1987.2077, 9533);

Dicoglossidae

TEN: *Ingerana tenasserimensis* (Sclater, 1892) (MNHN 724. Thaïlande);

HAS: *Taylorana hascheana* (MNHN 1997.5264. Ben-En, Vietnam)

CYA *Euphlyctis cyanophlyctis* (Schneider, 1799.) (MNHN 1977.1364, 1977.1368, 1979.1379, 1979.1392. Sanichare, Nepal);

LIM: *Occidozyga lima* (Gravenhorst, 1829) (MNHN 3366. Khao Yai, Thaïlande)

MAR: *Phrynoglossus martensii* Peters, 1867 (MNHN 1987.2885; 1987.2919; 1987.2927. Khao Chong, Thaïlande)

BRE: *Sphaerotheca breviceps* (Schneider, 1799) *Tomopterna breviceps* (Schneider, 1799) (MNHN 1989.2117.)

MAG: *Phrynoglossus magnapustulosus* (MNHN 1997.5375, 1997.5376. Ben En, Vietnam);

LAE: *Phrynoglossus laevis* (CAS 137092. Philippine Ids.: Sibuyan Id: Romblon Prov.: San Fdo.);

OCC: *Hoplobatrachus occipitalis* (Günther, 1859) (MNHN 1979.764, 1979.766. Mont Nimba, Guinée, Bouake);

RUG: *Hoplobatrachus rugulosus* (Weigman, 1835.) (MNHN 1997.4900. Laos);

KUH: *Limnonectes kuhlii* (Tschudi, 1838) (MNHN 1987.3334. Phu Kradung, Thaïlande; 1997.4100)

LIN: *Limnonectes (Fejervaria) limnocharis* (Gravenhorst, 1829) (MNHN 1987. 2371. Khao Chong, Thaïlande; 1997.5329. Ben En, Vietnam);

PIL: *Limnonectes (Bourretia) pileatus* (Boulenger, 1916) (MNHN 1987 3139. Khao Chong, Thaïlande)

BLY: *Limnonectes blythii* (Boulenger, 1920) (MNHN 1988.2468. Localité inconnue),

VIC: *Paa vicina (Nanorana vicina)* (Stoliczka, 1872) (MNHN 1985.1105. Manali, Inde),

BLA: *Paa blanfordii (Nanorana blanfordii)* (Boulenger, 1882) (MNHN 1994.6783. Sankhua Sabha dist. au-dessus Pahakhola, Nepal);

PAR: *Nanorana (Altirana) parkeri* Stejneger, 1927 (MNHN 1982.1082. Lhasa, Tibet);

Ranixalidae

GUN: *Indirana gundia* (Dubois, 1986) (MNHN 1985.626. Sud de l'Inde, Gundia);

Ptychadenidae

MAS: *Ptychadena mascareniensis* (Dumeril et Bibron, 1841) (MNHN 1995.1952, 1995.1962, 1995.1965, 1995.1979, 1995.2066, 1995.2067, 1995.2085, 1995.2091, 1995.2092, 1995.3069. Lomé, Togo);

SUP *Ptychadena superciliaris* (Günther, 1859) (MNHN 1970.949, 1970.963. Yalé, Guinée);

FLO: *Ptychadena floweri* (Boulenger, 1917) (MNHN 1996.6147. Africa),

TOU: *Ptychadena tournieri* (Guibé et Lamotte, 1955. Mont Nimba, Côte d'Ivoire);

PUJ: *Ptychadena pujoli* Lamotte et Ohler, 1997 (MNHN 1995.1446. Nimba, station de recherche, Liberia);

ARN: *Ptychadena arnei* (MNHN 1996.8909, 1996.8948. Côte d'Ivoire);

Pyxicephalidae

MAM: *Tomopterna marmorata* (Peters, 1854) (MNHN 1995.2138).

SUB: *Aubria subsigillata* (Dumeril, 1856) (MNHN 1989.2051; 1993.1470. Kovié, Togo);

ADS: *Pyxicephalus adspersus* Tschudi, 1838 (MNHN 1994.5528. Africa);

ANG: *Rana (Afrana) angolensis* Bocage, 1866 (MNHN 1989.49, 1989.108. Amanie, Tanzanie);

Rhacophoridae

LEU: *Rhacophorus leucomystax* Gravenhorst, 1829 (MNHN 1987.3554, 1987.3574. Khao Chong, Thaïlande);

NIR: *Rhacophorus nigropalmatus* Boulenger, 1895 (MNHN 1997.4904. Laos);

RUF: *Chiromantis rufescens* (Günther, 1868) (MNHN 1993.5702. Foulassi, Cameroun; MNHN 1995.4032, Liberia)

Petropedetidae

CRA: *Conraua crassipes* (Bucholz et Peters, 1875, Sierra Leona, Bandakhor,) (MNHN 1979.6145);

ALL: *Conraua alleni* (Barbour et Loveridge, 1927) (MNHN 1979.7007. Sierra Leone, Région du Loma, Bandankhor);

Mantellidae

BRA: *Boophis brachy chir* (Boettger, 1882) (MNHN 2495. Les Roussettes, Montagne d'Ambre, Madagascar)

GOU: *Boophis goudotii* (Tschudi, 1838) (MNHN 1975.2732. Madagascar); (Not Found)

Ceratobatrachidae

VIT: *Platymantis vitiensis* (Girard, 1853) (MNHN 1992.5264. Ile de Viti, Levu, Archipel. des Fidji);

ANEXO 4.

Músculos de miembros pelvicos.

M. semimembranosus (semim.)
M. subcutaneus femoris (subc.fem.)
M. tensor fasciae latae (tens.fasc.lat.)
M. vastus internus (vast.int.)
M. sartorius (sart.)
M. flexor tibialis magnus (fl.tib.mag.)
M. pectineus (pect.)
M. adductor magnus (add.mag.)
M. adductor brevis (add.br.)
M. gluteus (glut.)
M. adductor longus (add.long.)
M. gastrocnemius (gastr.)
M Peroneus (per.)
M. tibialis anticus (tib.ant.)
M. popliteus (popl.)
M. abductor brevis dorsalis digiti V
(abd.br.dor.V)

Músculos de miembros Toraxicos

M. extensor carpi radialis (ext.car.rad)
M. abductor indicis longus (abd.ind.lon)
M. flexor carpi ulnaris (fl.carp.uln.)
M. pronator teres (pro.ter.)

M. epitrochleocubitalis (epitr.)

M. flexor carpi radialis (fl.carp.rad)

M. deltoideus pars episternalis
(delt.p.epist.)

Mm. palmaris brevis (palm.br.) et *flexor digitorum* (fl.dig.); *aponeurosis palmaris* (apm)

Músculos Toraxicos

M. pectoralis minor (pect.min.)
M. cutaneus pectoris (cut.pec.)
M. pectoralis pars abdominalis
(pect.p.abd)
M. pectoralis pars epicoracoidea
(pec.p.epic.)
M. pectoralis pars sternalis (pec.p.st.)

Músculos de la Cabeza

M. submaxillaris (sbmax.)
M. lingualis (ling.).
M. pterygoideus (pt.)
M. temporalis (t.)
Mm. adductor mandibulae externus superficialis (add.mand.ext.sup.) et *adductor mandibulae posterior subexternus* (add.mand.post.sext.)
M. depressor mandibulae (depr.mand)

Músculos Hioideos

Mm. geniohyoideus (gen.)

Músculos dorsales

M. latissimus dorsi (lat.dor.)

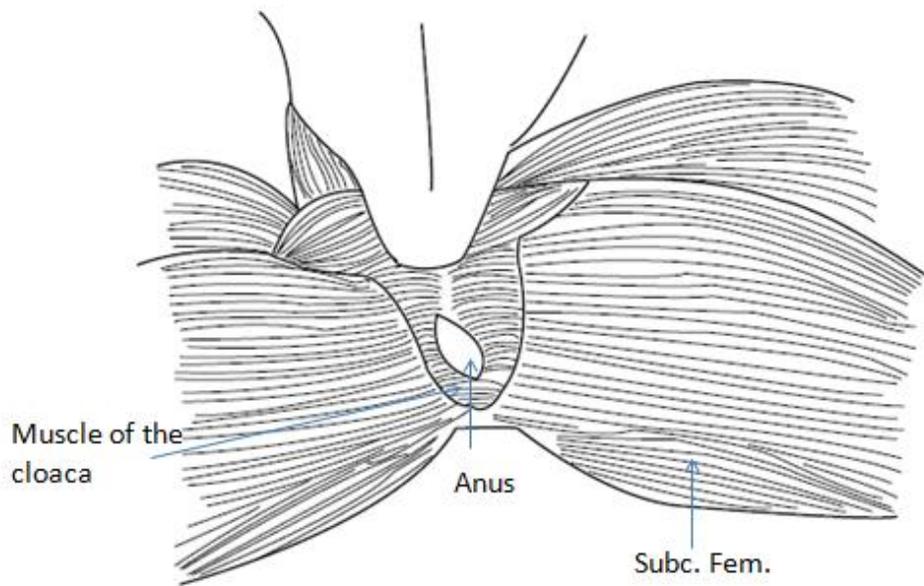
M. dorsalis scapulae (dor scap).

Músculos del abdomen.

M. rectus abdominis (rec.abd).

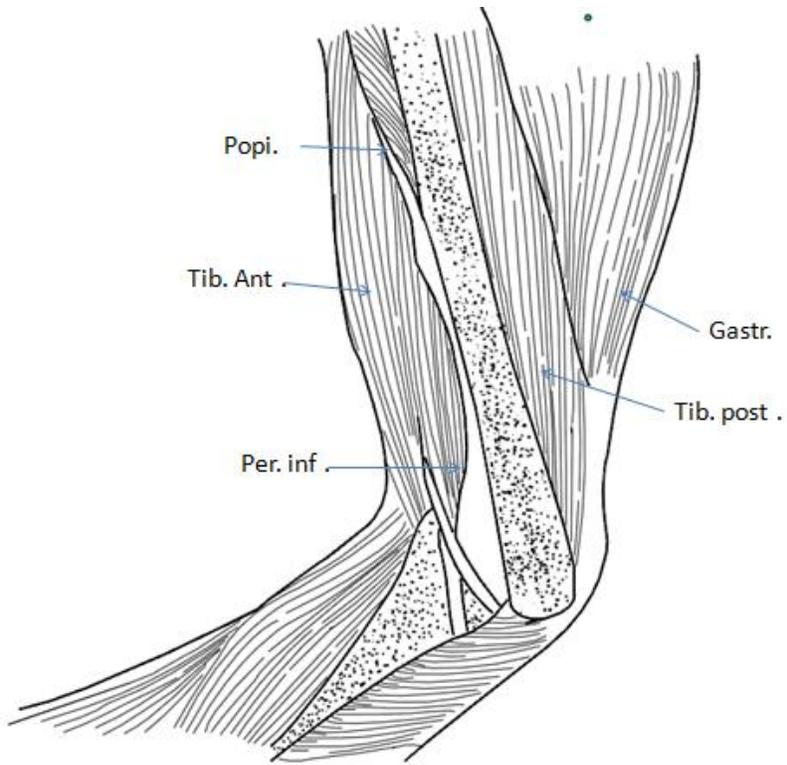
M. subhyoideus (subhyoi.)

ANEXO 5



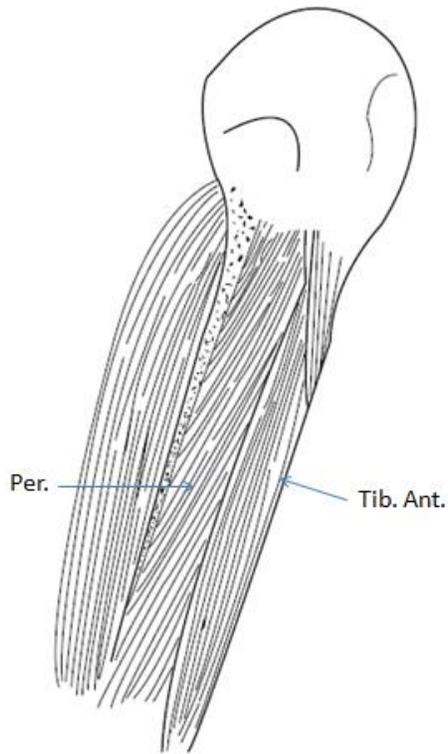
Dorsal aspect of the thigh muscles of *Limnonectes kuhlii*

Dibujo 1



Ventral surface of the muscles of the leg of *Rana lessonae*.

Dibujo 2

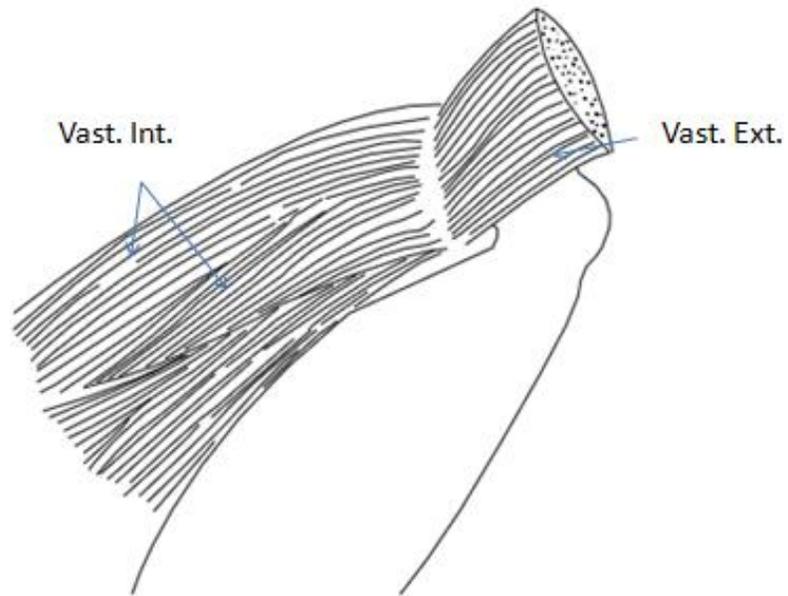


Anterior muscles of the leg of *Ranadalmatina*.

Dibujo 3

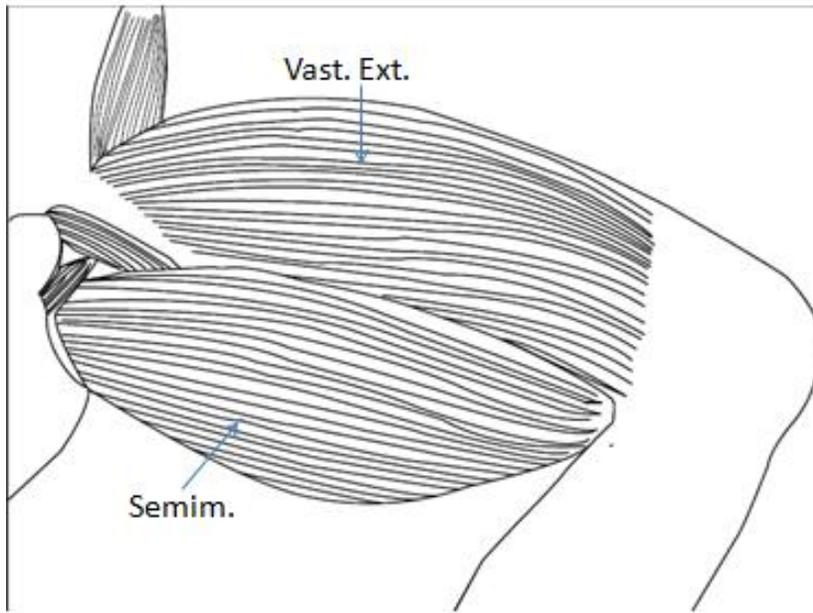
Tens. Fasc. Lat.

Dibujo 4



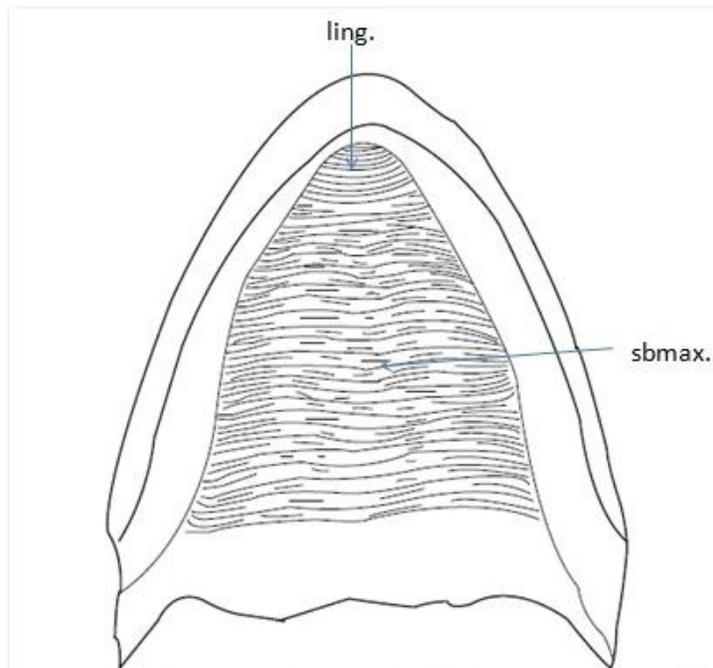
Dorsal aspect of the thigh muscles of *Limnonectes kuhlii*.

Dibujo 5



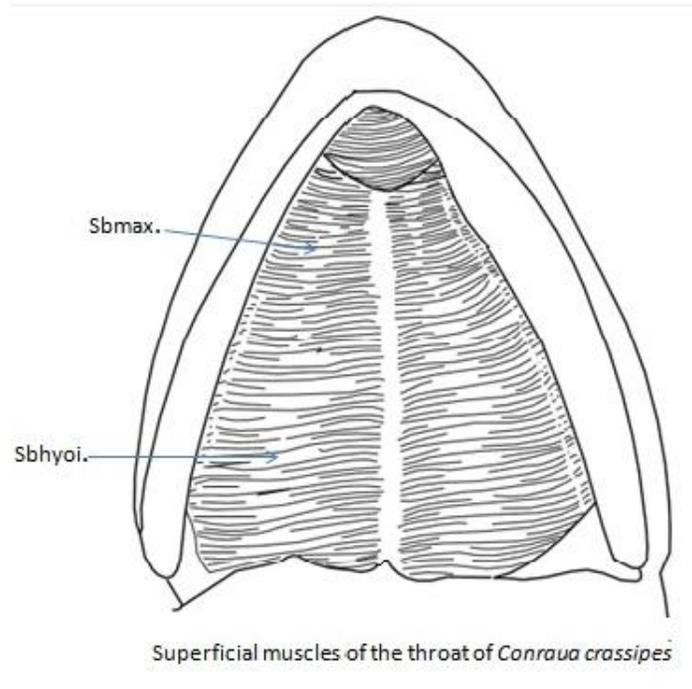
Dorsal aspect of the thigh muscles of *Rana temporaria*

Dibujo 6

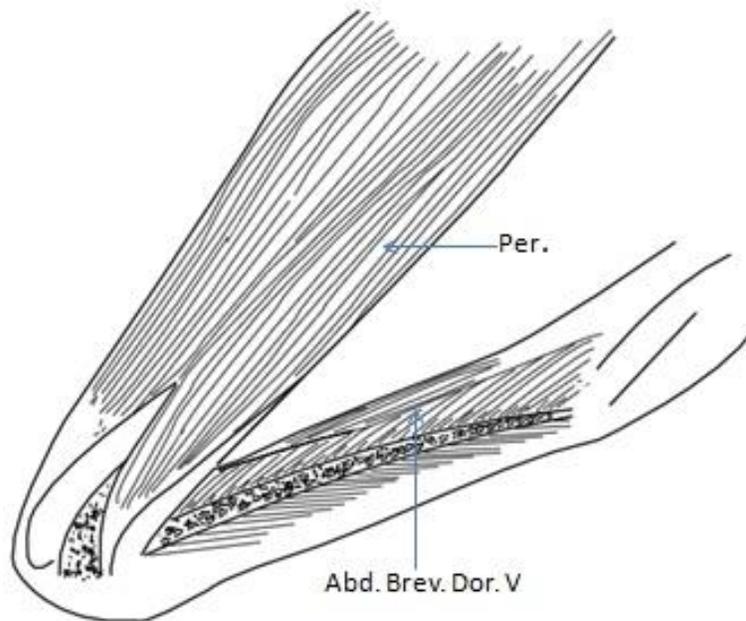


Superficial muscles of the throat of *Phrynoglossus martensi*

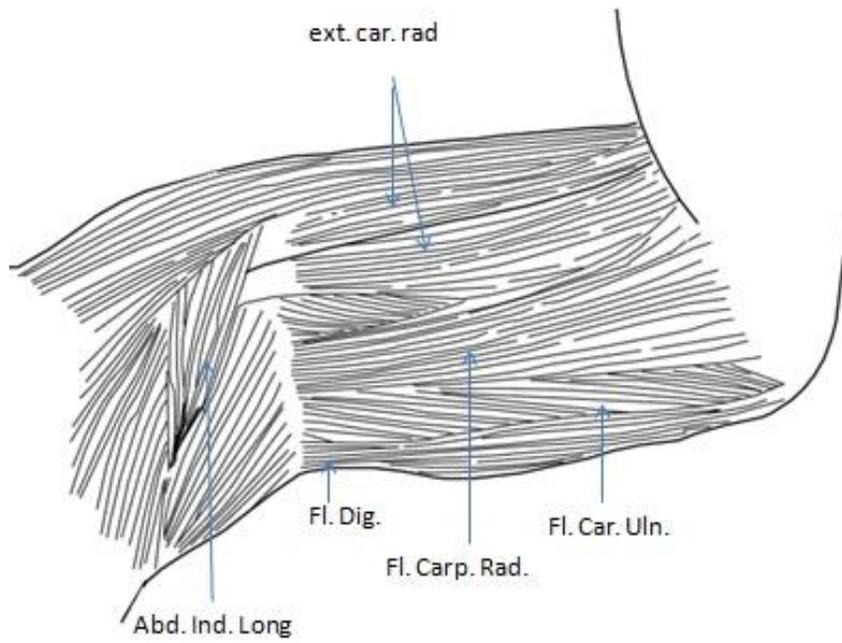
Dibujo 7



Dibujo 8

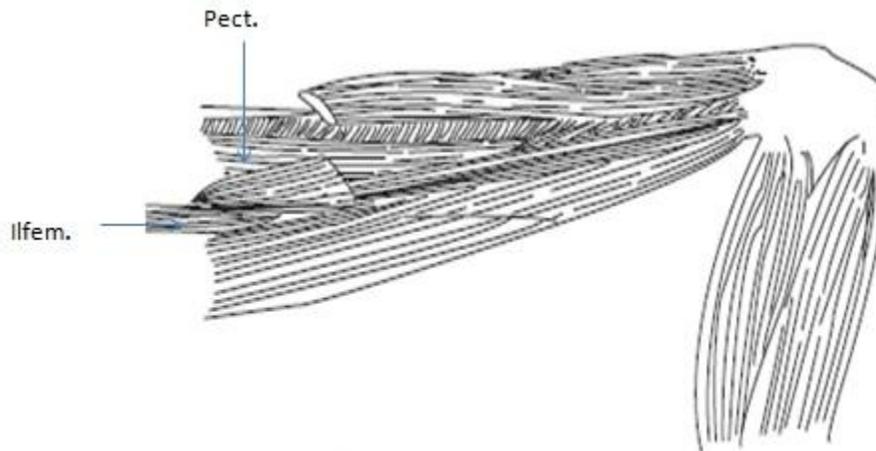


Dibujo 9



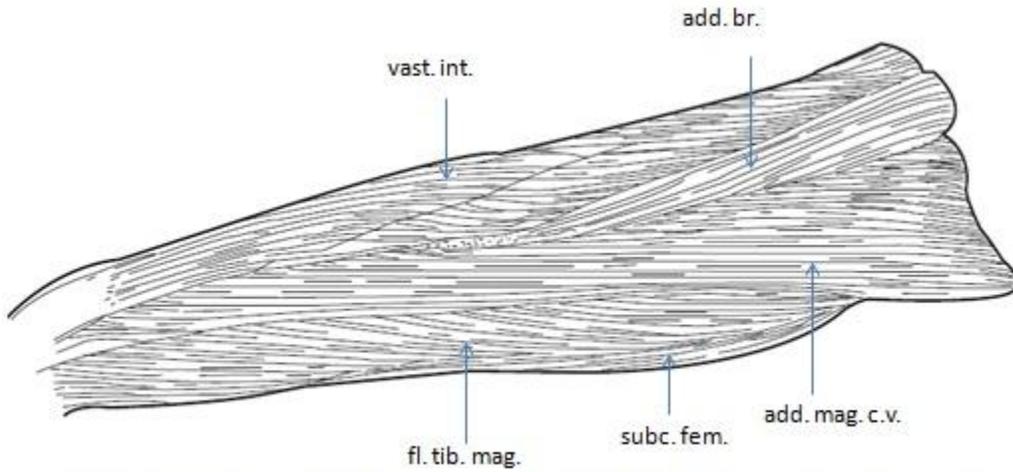
Ventral internal muscles of the forearm of *Paa vicina*

Dibujo 10



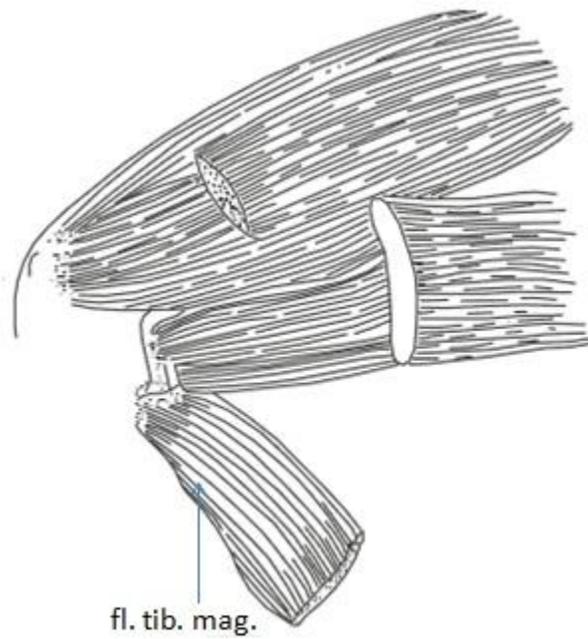
Dorsal surface of the deep muscles of the thigh of *Chiromantis rufescens*

Dibujo 11



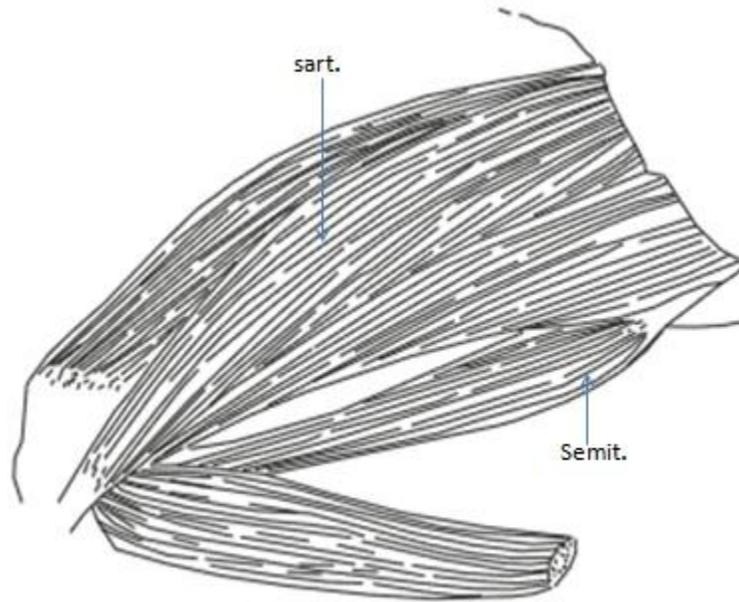
Ventral surface of the muscles of the thigh of *Chiromantis rufescens*

Dibujo 12



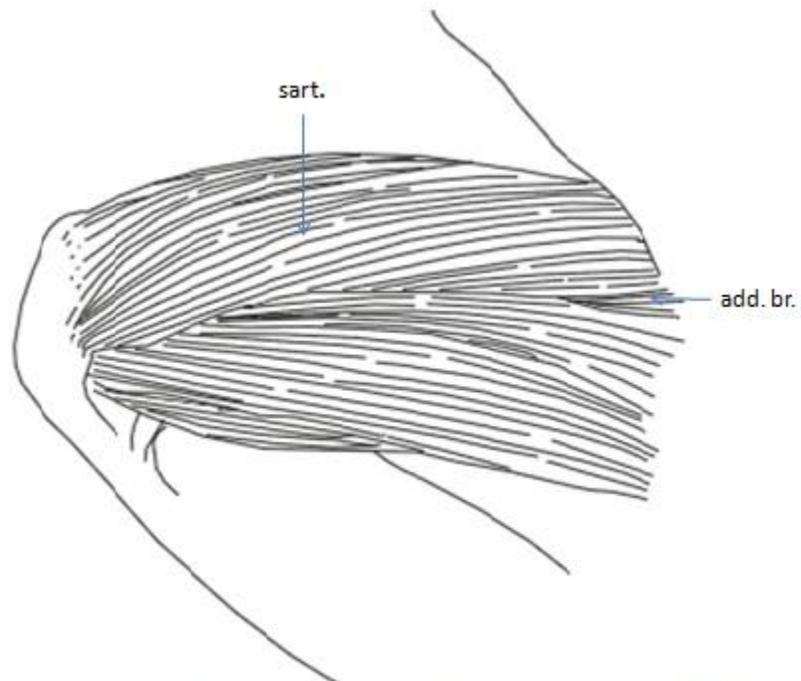
Ventral surface of the muscles of the thigh of *Limnonectes kuhlii*

Dibujo 13



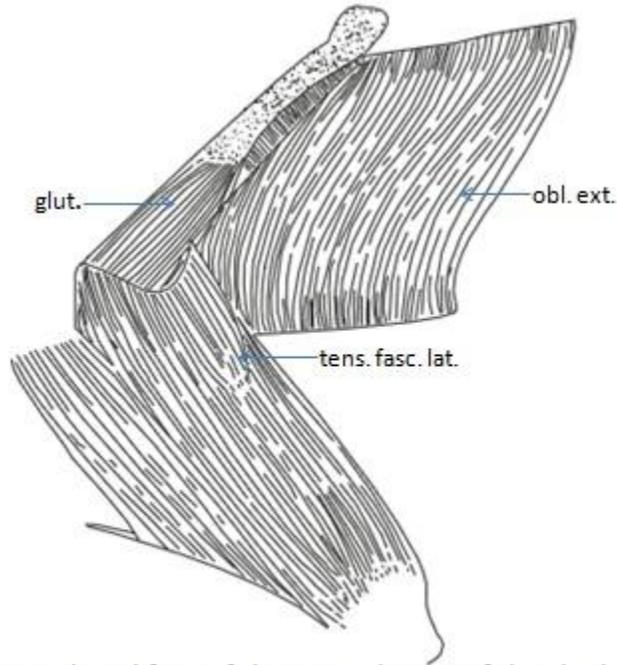
Ventral surface of the muscles of the thigh of *Ingerana tenasserimensis*

Dibujo 14



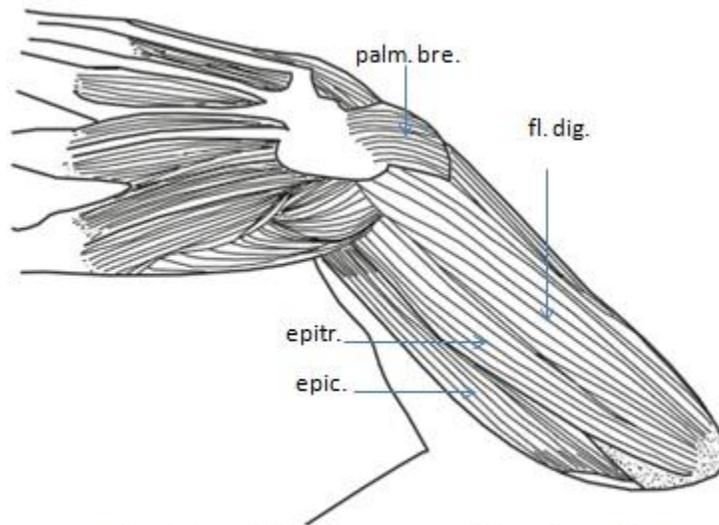
Ventral surface of the muscles of the thigh of *Limnonectes kuhlii*

Dibujo 15



Latero-dorsal face of the musculature of the thigh and iliac
Platymantis vitiensis

Dibujo 16



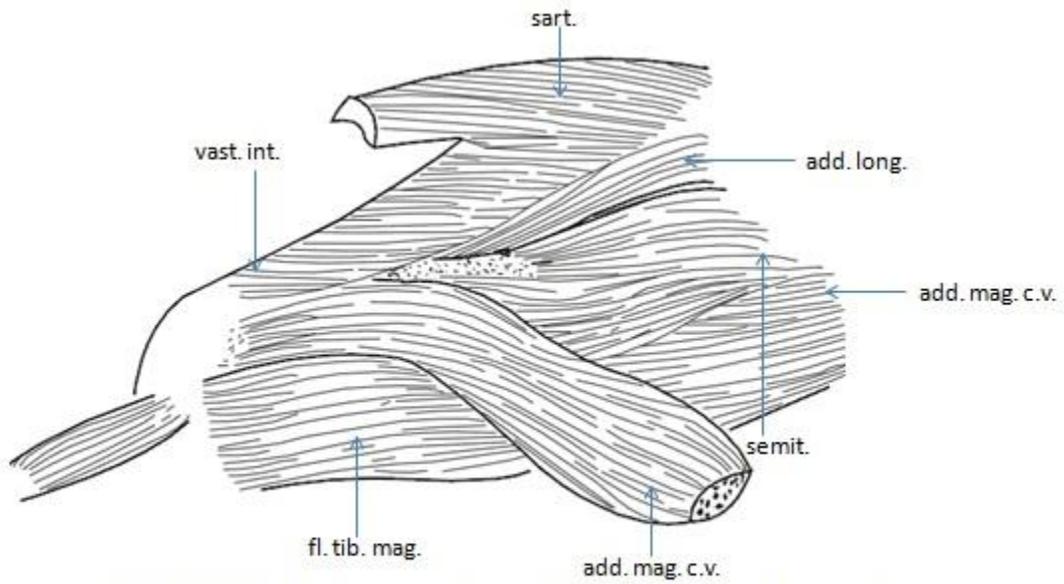
Ventral surface of the forearm and hand *Euphlyctis cyanophlyctis*

Dibujo 17



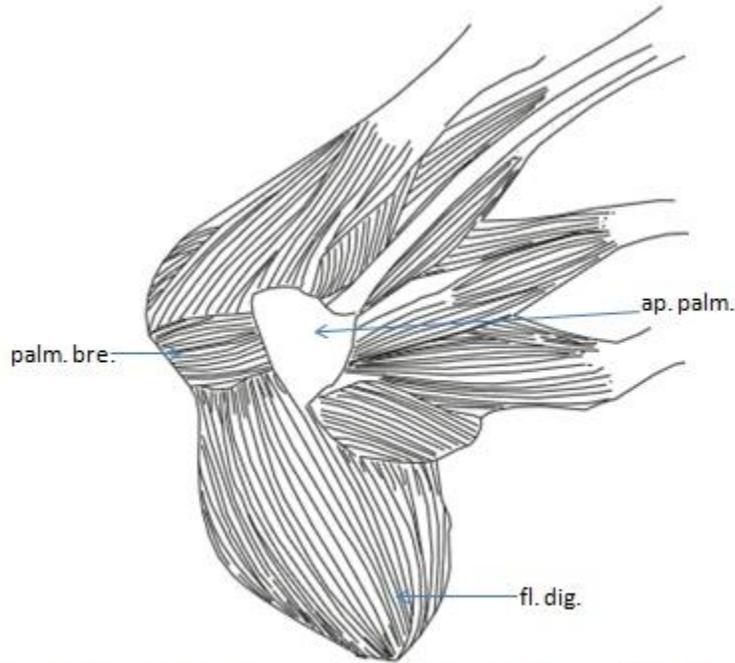
Dorsal surface of the muscles of the leg *Conran
alleni*

Dibujo 18



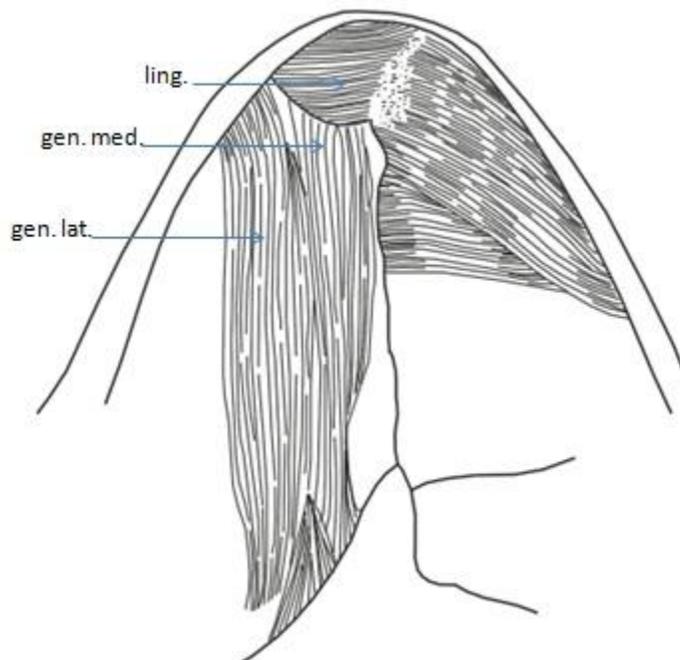
Superficial and deep ventral muscles of the thigh of *Tomopterna
marmorata*

Dibujo 19



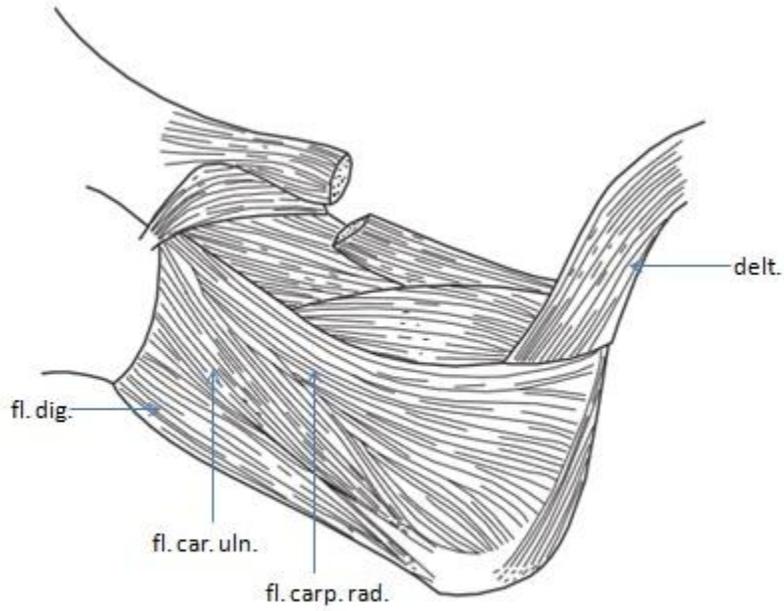
Ventral posterior forearm and ventral surface of the hand *Ingenara tenasserimensis*

Dibujo 20



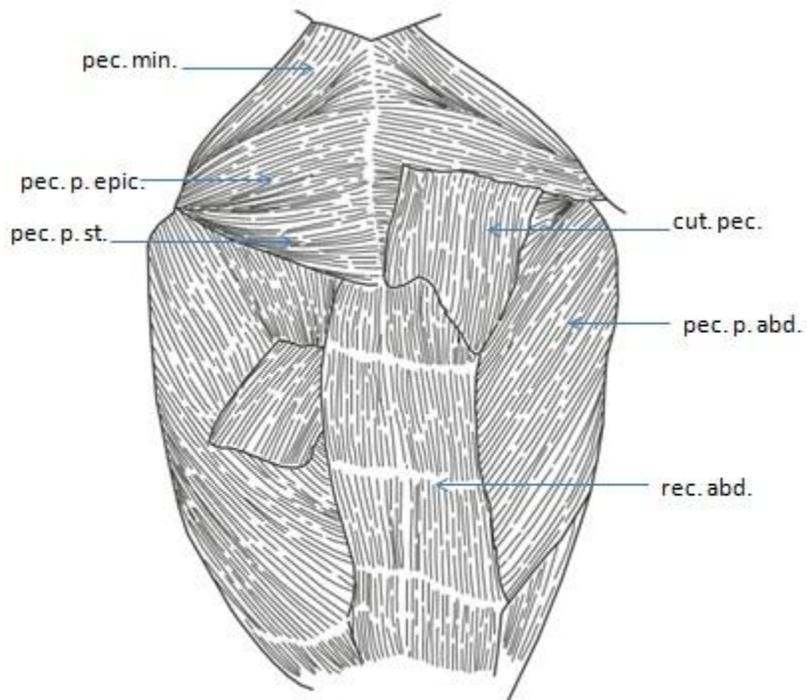
Deep muscles of the throat of *Ptychadena mascarenesis*

Dibujo 21



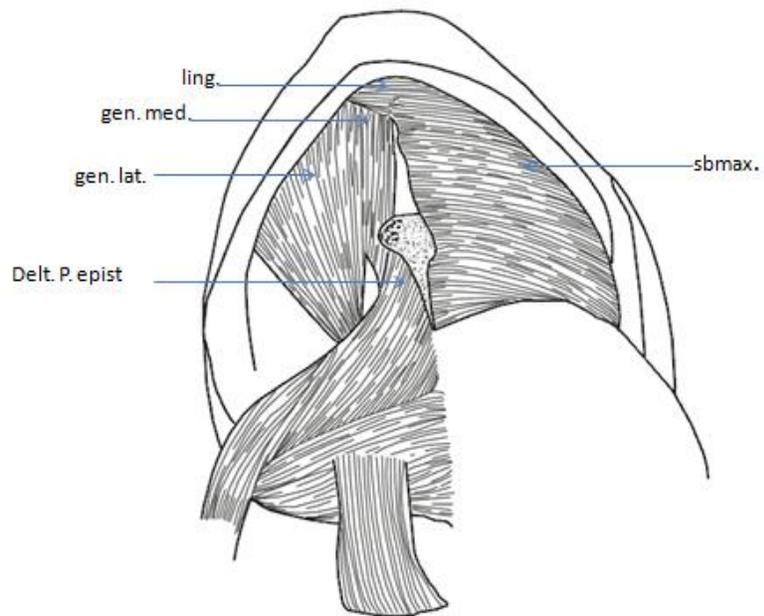
Internal ventral surface of the forearm of *Ptychadena floweri*

Dibujo 22



Superficial muscles of the abdominal and chest strap of *Ptychadena superciliaris*

Dibujo 23



Superficial and deep muscles of the throat and superficial muscles of the chest strap *Ingerana tenasserimensis*

Dibujo 24