

CORRECTION

# Correction: DNA Barcoding in Pencilfishes (Lebiasinidae: *Nannostomus*) Reveals Cryptic Diversity across the Brazilian Amazon

The PLOS ONE Staff

[Table 2](#) is missing rows for *N. espeii*, *N. limatus*, and line 17 incorrectly contains the name *N. rubrotaniatus* instead of *N. rubrocaudatus*. The authors have provided a correct version of [Table 2](#) here.



 OPEN ACCESS

**Citation:** The PLOS ONE Staff (2015) Correction: DNA Barcoding in Pencilfishes (Lebiasinidae: *Nannostomus*) Reveals Cryptic Diversity across the Brazilian Amazon. PLoS ONE 10(4): e0123363. doi:10.1371/journal.pone.0123363

**Published:** April 2, 2015

**Copyright:** © 2015 The PLOS ONE Staff. This is an open access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution License](#), which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Table 2. Estimates of pairwise genetic distance between *Nannostomus* species under the Kimura 2- parameter (K2P) model.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	
<i>N. beckfordi</i>	0.911	0.026	0.018	0.021	0.018	0.019	0.017	0.019	0.019	0.017	0.020	0.021	0.019	0.019	0.019	0.020	0.021	0.022	0.021	0.020	0.020	0.020	0.018	0.019	0.020
<i>N. britskii</i>	0.286	<b>0.103</b>	0.024	0.024	0.022	0.022	0.023	0.022	0.022	0.026	0.025	0.022	0.024	0.024	0.024	0.024	0.026	0.026	0.026	0.026	0.026	0.026	0.022	0.022	0.023
<i>N. digrammus1</i>	0.178	0.263	<b>1.501</b>	0.018	0.019	0.019	0.018	0.018	0.018	0.021	0.021	0.018	0.019	0.019	0.017	0.018	0.020	0.020	0.021	0.021	0.020	0.021	0.018	0.019	0.020
<i>N. digrammus2</i>	0.211	0.262	0.162	<b>0.813</b>	0.021	0.020	0.019	0.020	0.020	0.018	0.021	0.022	0.021	0.023	0.019	0.022	0.022	0.021	0.021	0.021	0.021	0.021	0.018	0.020	0.020
<i>N. eques1</i>	0.170	0.216	0.184	0.216	<b>0.557</b>	0.008	0.008	0.010	0.011	0.017	0.018	0.019	0.021	0.020	0.018	0.018	0.020	0.021	0.023	0.020	0.022	0.022	0.018	0.018	0.019
<i>N. eques2</i>	0.177	0.227	0.188	0.196	0.048	<b>2.293</b>	0.007	0.011	0.011	0.018	0.018	0.016	0.020	0.020	0.018	0.016	0.019	0.020	0.022	0.020	0.021	0.021	0.017	0.018	0.019
<i>N. eques3</i>	0.186	0.226	0.191	0.191	0.041	0.034	<b>0.265</b>	0.010	0.011	0.018	0.018	0.017	0.021	0.020	0.018	0.017	0.019	0.021	0.022	0.021	0.023	0.023	0.018	0.017	0.019
<i>N. eques4</i>	0.159	0.214	0.186	0.207	0.066	0.076	<b>0.521</b>	0.010	0.010	0.017	0.018	0.020	0.021	0.019	0.018	0.018	0.022	0.022	0.020	0.021	0.021	0.023	0.018	0.018	0.018
<i>N. eques5</i>	0.171	0.232	0.174	0.182	0.077	0.076	0.074	<b>0.000</b>	0.019	0.019	0.019	0.020	0.021	0.018	0.018	0.020	0.020	0.022	0.021	0.021	0.021	0.023	0.017	0.019	0.020
<i>N. espei</i>	0.173	0.224	0.177	0.172	0.170	0.176	0.180	0.167	0.191	<b>0.000</b>	0.018	0.017	0.020	0.019	0.018	0.017	0.021	0.019	0.019	0.019	0.021	0.021	0.018	0.019	0.020
<i>N. hamisoni</i>	0.153	0.266	0.225	0.217	0.177	0.179	0.182	0.190	0.172	<b>0.000</b>	0.020	0.021	0.021	0.021	0.020	0.019	0.021	0.021	0.020	0.021	0.021	0.021	0.017	0.021	0.021
<i>N. limatus</i>	0.188	0.253	0.179	0.228	0.183	0.155	0.168	0.172	0.192	0.145	<b>0.193</b>	<b>0.115</b>	0.022	0.021	0.019	0.006	0.022	0.024	0.023	0.022	0.023	0.023	0.019	0.020	0.021
<i>N. manginatus</i>	0.214	0.241	0.189	0.215	0.217	0.214	0.214	0.206	0.202	0.223	0.224	<b>1.252</b>	0.016	0.021	0.021	0.015	0.022	0.022	0.023	0.019	0.020	0.021	0.021	0.021	0.022
<i>N. montithaleri</i>	0.186	0.258	0.188	0.228	0.196	0.201	0.201	0.197	0.199	0.181	0.218	0.207	0.126	<b>0.000</b>	0.021	0.021	0.024	0.022	0.023	0.023	0.023	0.022	0.021	0.021	0.021
<i>N. mangilineae</i>	0.188	0.260	0.170	0.178	0.182	0.174	0.182	0.188	0.178	0.176	0.207	0.197	0.224	0.215	<b>0.642</b>	0.019	0.021	0.021	0.022	0.021	0.022	0.021	0.022	0.020	0.021
<i>N. nitidus</i>	0.183	0.245	0.178	0.219	0.173	0.147	0.158	0.172	0.184	0.145	0.195	<b>0.022*</b>	0.229	0.208	0.190	<b>0.881</b>	0.021	0.023	0.024	0.022	0.023	0.023	0.019	0.020	0.020
<i>N. rubrocaudatus</i>	0.199	0.255	0.214	0.230	0.196	0.196	0.191	0.165	0.190	0.207	0.192	0.229	0.130	0.123	0.225	0.225	<b>0.000</b>	0.023	0.025	0.023	0.023	0.022	0.021	0.021	0.022
<i>N. trifasciatus1</i>	0.221	0.283	0.210	0.216	0.221	0.218	0.218	0.229	0.214	0.192	0.211	0.255	0.239	0.269	0.216	0.245	<b>0.249</b>	<b>0.000</b>	0.014	0.016	0.017	0.017	0.021	0.021	0.022
<i>N. trifasciatus2</i>	0.240	<b>0.293*</b>	0.215	0.216	0.226	0.229	0.232	0.233	0.228	0.189	0.213	0.247	0.248	0.239	0.205	0.253	0.265	0.106	<b>0.000</b>	0.014	0.018	0.017	0.021	0.021	0.022
<i>N. trifasciatus3</i>	0.227	0.283	0.210	0.199	0.202	0.208	0.208	0.207	0.214	0.190	0.207	0.225	0.257	0.253	0.223	0.229	0.245	0.128	0.115	<b>0.000</b>	0.018	0.018	0.022	0.023	0.022
<i>N. trifasciatus4</i>	0.195	0.289	0.199	0.208	0.219	0.214	0.231	0.199	0.214	0.210	0.211	0.238	0.209	0.242	0.216	0.240	0.239	0.152	0.162	0.149	<b>0.115</b>	0.009	0.023	0.023	0.024
<i>N. trifasciatus5</i>	0.209	0.286	0.204	0.212	0.231	0.228	0.240	0.213	0.238	0.213	0.211	0.234	0.217	0.240	0.234	0.238	0.235	0.153	0.140	0.148	<b>0.335</b>	0.022	0.022	0.023	0.023
<i>N. unifasciatus1</i>	0.162	0.237	0.192	0.183	0.178	0.168	0.173	0.160	0.166	0.174	0.162	0.188	0.226	0.226	0.210	0.187	0.206	0.224	0.224	0.230	0.233	0.226	<b>0.715</b>	0.015	0.015
<i>N. unifasciatus2</i>	0.183	0.239	0.199	0.205	0.184	0.180	0.176	0.178	0.189	0.190	0.203	0.194	0.222	0.211	0.203	0.192	0.214	0.233	0.226	0.247	0.244	0.236	0.125	<b>0.579</b>	0.008
<i>N. unifasciatus3</i>	0.188	0.245	0.213	0.205	0.187	0.184	0.188	0.185	0.195	0.194	0.211	0.206	0.237	0.221	0.212	0.199	0.232	0.235	0.229	0.234	0.252	0.245	0.124	0.046	<b>0.931</b>

Pairwise congruence divergence is denoted by the number of base substitutions per site between species (below diagonal) with their corresponding standard error (above diagonal).

Complete deletion of all codon positions (1<sup>st</sup>, 2<sup>nd</sup>, 3<sup>rd</sup> and noncoding) was employed in this analysis.

Mean conspecific divergences (%) are listed on the diagonal in bold italics.

\* Large congeneric K2P distance;

\*\* Small congeneric K2P distance.

doi:10.1371/journal.pone.0123363.t001

## Reference

1. Benzaquem DC, Oliveira C, da Silva Batista J, Zuanon J, Porto JIR (2015) DNA Barcoding in Pencilfishes (Lebiasinidae: *Nannostomus*) Reveals Cryptic Diversity across the Brazilian Amazon. PLoS ONE 10(2): e0112217. doi:[10.1371/journal.pone.0112217](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0112217) PMID: [25658694](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25658694/)