



Evaluación de la biodiversidad taxonómica de artrópodos en un agroecosistema ganadero mediante DNA barcoding: Construcción de una biblioteca de referencia local en Arecibo, Puerto Rico



Fabián Hernández², Carlos Izquierdo¹, Elanis Lopez¹, Najua J. Strooband Said², Dra. Luz V. Arroyo-Cruz²

¹Escuela especializada Nueva Brígida Álvarez Rodríguez, Vega Baja, PR; ²Programa de Microbiología, Departamento de Biología, Universidad de Puerto Rico, Arecibo, PR

Resumen

- Las vaquerías son agroecosistemas complejos que albergan comunidades diversas de insectos, en algunos casos desconocidas.
- Recolectamos insectos utilizando trampas cromátidas amarillas, trampas de caída, y bolsas desechables para moscas en dos áreas con distinto impacto ganadero, preservándolas en nevera luego de su captura.
- Los especímenes se identificaron primero morfológicamente y luego mediante análisis molecular.
- Nuestros hallazgos muestran que, a mayor impacto, mayor diversidad y mayor riqueza.

Introducción

- Los insectos desempeñan funciones ecológicas esenciales como: aprovisionamiento, regulación, apoyo y servicios culturales.
- La identificación morfológica de insectos enfrenta limitaciones significativas ya sea por similitudes morfológicas entre ellas, daño durante el muestreo, o por el “impedimento taxonómico”.
- El DNA barcoding y el metabarcoding han resuelto ese problema, permitiendo la clasificación de insectos de una manera rápida, precisa y reproducible.
- Además, en las fincas ganaderas de Arecibo, P.R. hay una ausencia de un inventario taxonómico detallado de insectos asociados a estos sistemas y de una biblioteca local de barra COI que los representen.

Objetivo:

Evaluar la biodiversidad taxonómica de insectos en una finca ganadera de Arecibo, Puerto Rico, mediante la integración de taxonomía morfológica y DNA barcoding del gen mitocondrial COI (Citocromo Oxidasa I).

Hipótesis:

Planteamos que a mayor impacto menor diversidad, pero mayor riqueza de especies.

Metodología



Figura 1. Ubicación de los puntos en la Vaquería Prudo Vélez Hijas, Inc.

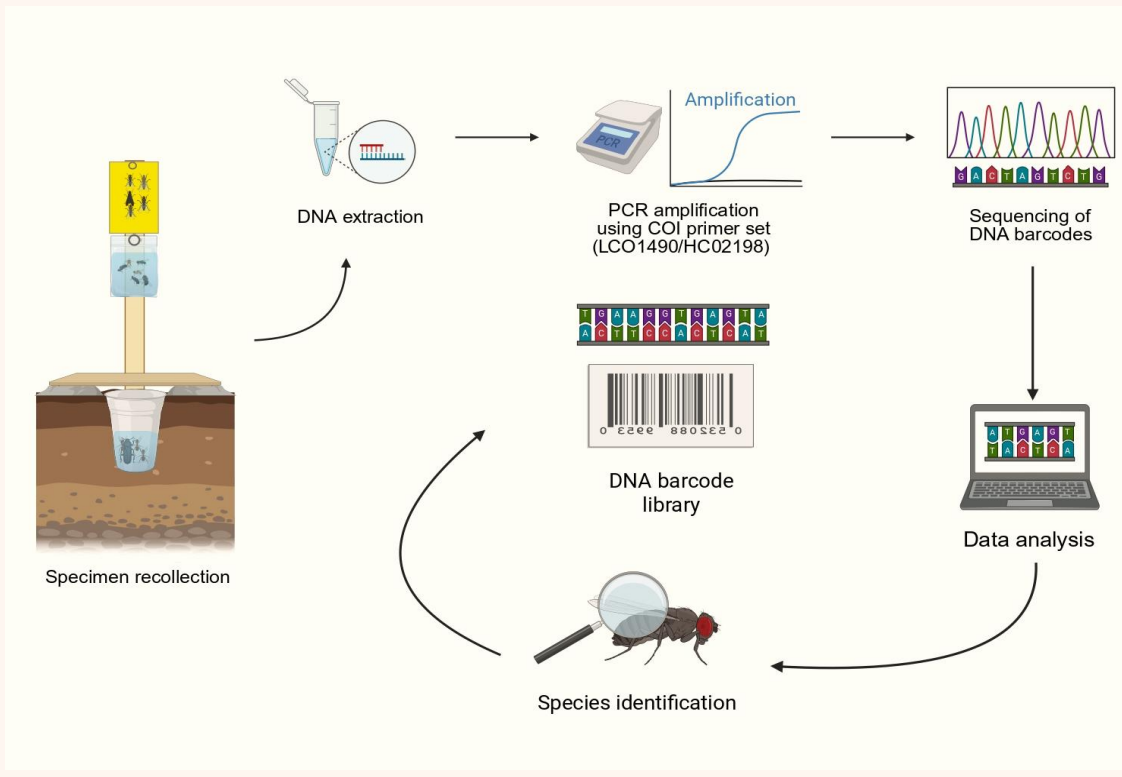


Figura 2. Metodología empleada en este estudio.

Resultados

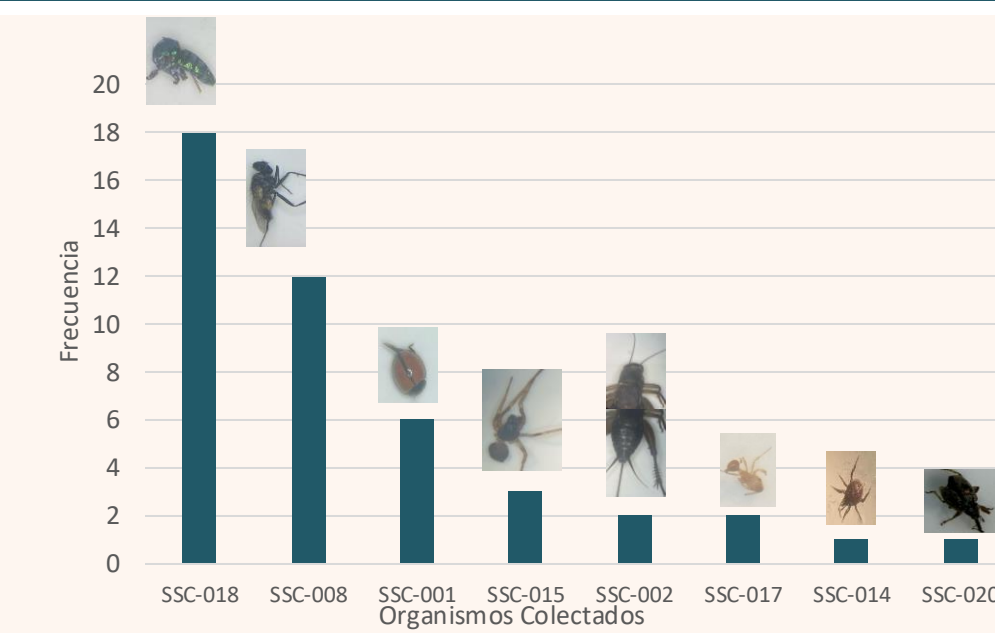


Figura 3. Resultados de los organismos recolectados del Punto 1

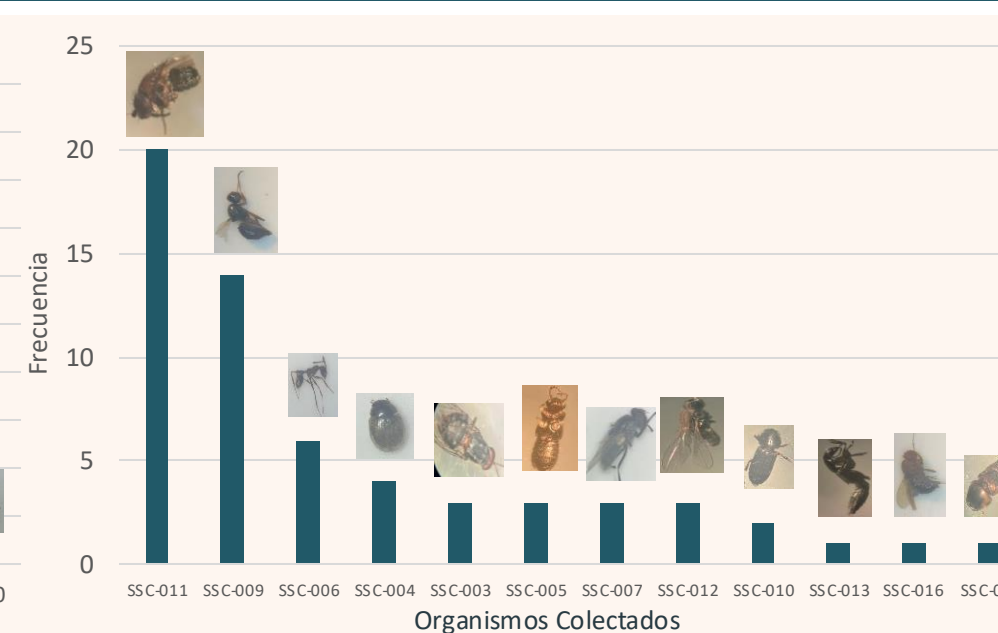


Figura 4. Resultados de los organismos recolectados del Punto 2

Muestras identificadas (N=43)	
Punto 1 (N=41)	Punto 2 (N=42)
SSC-018 <i>Coelophora</i> sp. (N=18)	SSC-011 <i>Coprocera</i> sp. (N=20)
SSC-008 <i>Musca domestica</i> (N=12)	SSC-009 <i>Phosphobrycon</i> sp. (N=15)
SSC-001 <i>Coelophora inaequalis</i> (N=6)	SSC-006 <i>Tetramesa</i> sp. (N=8)
SSC-015 <i>Phaenocarpa</i> sp. (N=3)	SSC-004 <i>Anthrax</i> sp. (N=4)
SSC-002 <i>Stomoxys</i> sp. (N=2)	SSC-003 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)
SSC-017 <i>Wasmannia</i> sp. (N=1)	SSC-005 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)
SSC-014 <i>Wasmannia</i> sp. (N=1)	SSC-007 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)
SSC-020 <i>Wasmannia</i> sp. (N=1)	SSC-012 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)
	SSC-010 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)
	SSC-013 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)
	SSC-016 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)
	SSC-019 <i>Oxycera</i> sp. (N=3)

Figura 4. Resultados del análisis bioinformático

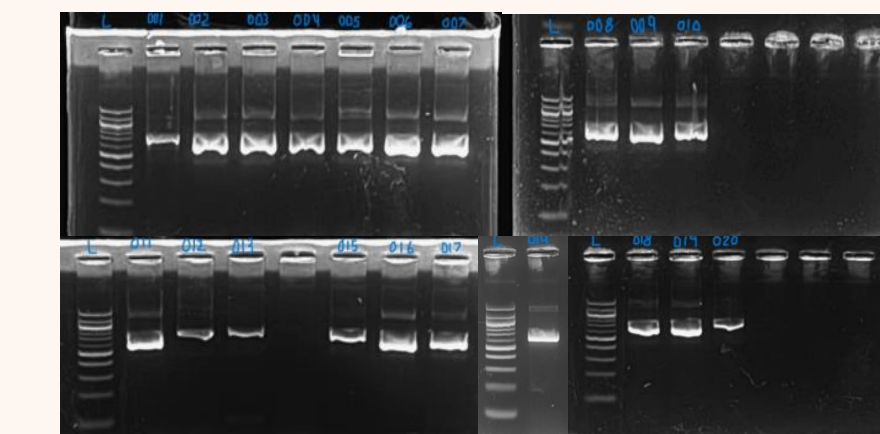


Figura 6. Resultados de la Electroforesis

Rol funcional	Grupos incluidos (ejemplos)	N (abundancia)	% del total
Plagas/ectoparásitos	<i>Musca domestica</i> (Muscidae), <i>Stomoxys calcitrans</i> , <i>Coprocera ferruginea</i> , <i>Hypopygiopsis infumata</i> , <i>Phosphobrycon</i> sp.	51	48.1%
Descomponedores/competidores	<i>Condylostylus</i> sp. (asumido como asociado a microhábitats de descomposición) y <i>Coprocera</i>	18	17.0%
Depredadores/parasitoides	<i>Falcinaria gracilis</i> (Lycosoidea/arañas cazadoras), <i>Oxytelus incisus</i> , <i>Philonthus longicornis</i> (Staphylinini/Oxytelini depredadores), <i>Tetramesa bicarinatum</i> , <i>Wasmannia auropunctata</i> (Myrmicinae), <i>Anthrax</i> sp.	19	17.9%
Fitófagos/otros	<i>Scopoporus</i> (Gryllidae), <i>Anthonomus</i> sp. (Curculionidae), además de varios taxones no clasificados claramente en los otros roles (por ejemplo, <i>Coelophora inaequalis</i>), etc.	18	17.0%

Figura 5. Funcionalidad de las especies

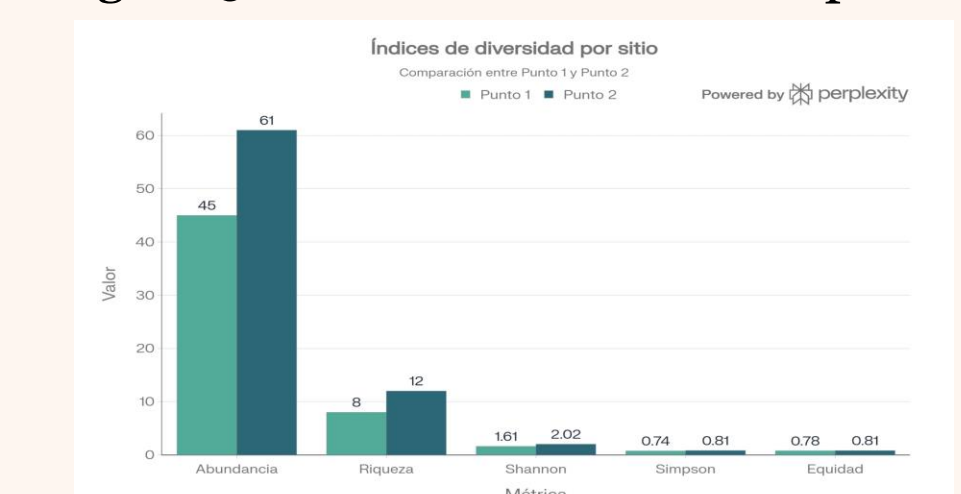


Figura 7. Índices de diversidad por punto

Discusión

- Los hallazgos demuestran que, a mayor impacto, mayor diversidad y mayor riqueza, el cual cumple parcialmente con nuestra hipótesis.
- Durante el análisis morfológico, no se pudo caracterizar las especies contenidas en las bolsas desechables para moscas por el estado de descomposición en el que se hallaban los organismos.
- Además, para una de las muestras no hubo suficiente ADN para poder llevar a cabo el análisis genómico, por lo tanto, permanece desconocido.
- Sin embargo, todo lo demás fue llevado a cabo exitosamente, por lo que pudimos identificar algunas especies *Coelophora inaequalis* (SSC-001), *Musca domestica* (SSC-008), *Stomoxys calcitrans* (SSC-007) y *Wasmannia auropunctata* (SSC-017).
- Estos resultados evidencian diferencias ecológicas entre los sitios estudiados y resaltan la importancia de continuar monitoreando estos ecosistemas.

Agradecimientos

Queremos agradecer a:

- Barcode Puerto Rico en el Arecibo C3** - por la oportunidad de llevar a cabo este proyecto;
- Sra. Ada Vélez, propietaria de la Ganadería Prudo Vélez Hijas Inc.** - por permitir realizar las capturas de insectos en su finca.
- Universidad de Puerto Rico en Arecibo** - por prestar sus facilidades y estereoscopios para llevar a cabo el análisis macroscópico;
- Dra. Sondra Vega Castillo** - por prestarnos sus equipos y envases para almacenar y preservar los insectos.

Referencias

