

Ángel Delgado Hernández y Andrea Martínez Zamorano

Tutores: Pilar de la Rúa Tarín<sup>1</sup>, Vicente Martínez López<sup>1</sup> y José M. Caballero Fernández-Rufete<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Zoología y Antropología Física, Facultad de Veterinaria, Universidad de Murcia; <sup>2</sup>IES Juan Carlos I

## Introducción y objetivo

El papel de muchos insectos y en particular de los himenópteros en los procesos de polinización es bien conocido. Además tienen gran importancia tanto ecológica, siendo cruciales para el mantenimiento de los ecosistemas, como económica en cuanto a la producción agrícola. Desde hace años se viene observando una preocupante disminución de muchas poblaciones de polinizadores. Entre las principales causas se encuentran la introducción de especies exóticas y de patógenos asociados a ellas, así como el uso generalizado de plaguicidas.

Ante esta pérdida de biodiversidad es urgente tomar medidas de conservación, pero estas deben apoyarse en herramientas adecuadas y robustas para la identificación y discriminación de especies. Desde hace una serie de años ha cobrado relevancia la técnica de *barcoding* (secuenciación parcial del gen de la subunidad I de la citocromo oxidasa) para la identificación de especies, y concretamente en himenópteros, donde el reconocimiento tradicional mediante caracteres morfológicos da lugar a numerosas dudas, debidas entre otras razones, a las similitudes morfológicas entre especies y a la presencia de especies crípticas. El objetivo de este trabajo es la identificación de himenópteros polinizadores mediante *barcoding*, como una primera aproximación al conocimiento de la biodiversidad de himenópteros presentes en el sureste ibérico.

## Material y métodos

En 2017, miembros del Área de Biología Animal realizaron un muestreo de abejas en un campo abandonado del término municipal de Bullas (Murcia) (Fig. 1).



Fig. 1. Localización del campo donde se tomaron las muestras.

Se obtuvieron 90 ejemplares que fueron conservados a -80 °C. A partir de noviembre de 2018 realizamos los siguientes análisis:

- se tomaron fotografías de cada uno de los ejemplares, utilizando SPOT Advanced, para facilitar una posterior identificación. Posteriormente los ejemplares se conservaron en etanol.

- de cada ejemplar se tomó una pata que contenía tejido muscular y a partir de ellas se llevó a cabo la extracción de ADN, utilizando resina Chelex. Mediante PCR se amplificó el fragmento del gen mitocondrial de la subunidad 1 de la citocromo oxidasa. Posteriormente se realizó una electroforesis para comprobar que la PCR había dado el resultado esperado. El fragmento amplificado fue secuenciado por un servicio externo a la universidad.

- las secuencias obtenidas se analizaron con el programa MEGA X, llevándose a cabo un alineamiento de las mismas (Fig. 2) mediante el algoritmo Muscle, dejando los parámetros por defecto. A continuación, con cada una de las secuencias se usó el programa BLAST, lo que permitió la identificación de la especie de cada individuo.



Fig. 2. Secuencias alineadas.

## Resultados

De los 90 ejemplares iniciales se pudieron identificar 37, pertenecientes a 4 familias y 10 especies (Tabla 1). La más frecuente fue la abeja de la miel (40%), seguida de la abeja solitaria *Andrena flavipes* (30%). Del resto de las especies se han encontrado entre uno y dos individuos (Fig 3). Los resultados demuestran que la técnica es adecuada para la identificación de especies de himenópteros a pesar de que la eficacia en este experimento no fue muy alta debido a errores de procesamiento de las muestras durante la extracción de ADN. Esta técnica es prometedora ya que permite sumar a la imagen tomada por fotografía a cada individuo, la secuencia que permite identificar su especie.

Familia	Especie	N
APIDAE	<i>Apis mellifera</i>	15
APIDAE	<i>Bombus terrestris</i>	2
ANDRENIDAE	<i>Andrena flavipes</i>	11
ANDRENIDAE	<i>Andrena nigroaenea</i>	2
MEGACHILIDAE	<i>Megachile flavellipes</i>	2
MEGACHILIDAE	<i>Megachile nitidicollis</i>	1
MEGACHILIDAE	<i>Rhodanthidium septemdentatum</i>	1
MEGACHILIDAE	<i>Rhodanthidium caturigense</i>	1
HALICTIDAE	<i>Halictus simplex</i>	1
HALICTIDAE	<i>Halictus langobardicus</i>	1

Tabla 1. Especies de himenópteros identificadas. Se indica la familia, la especie y el número de ejemplares (N).

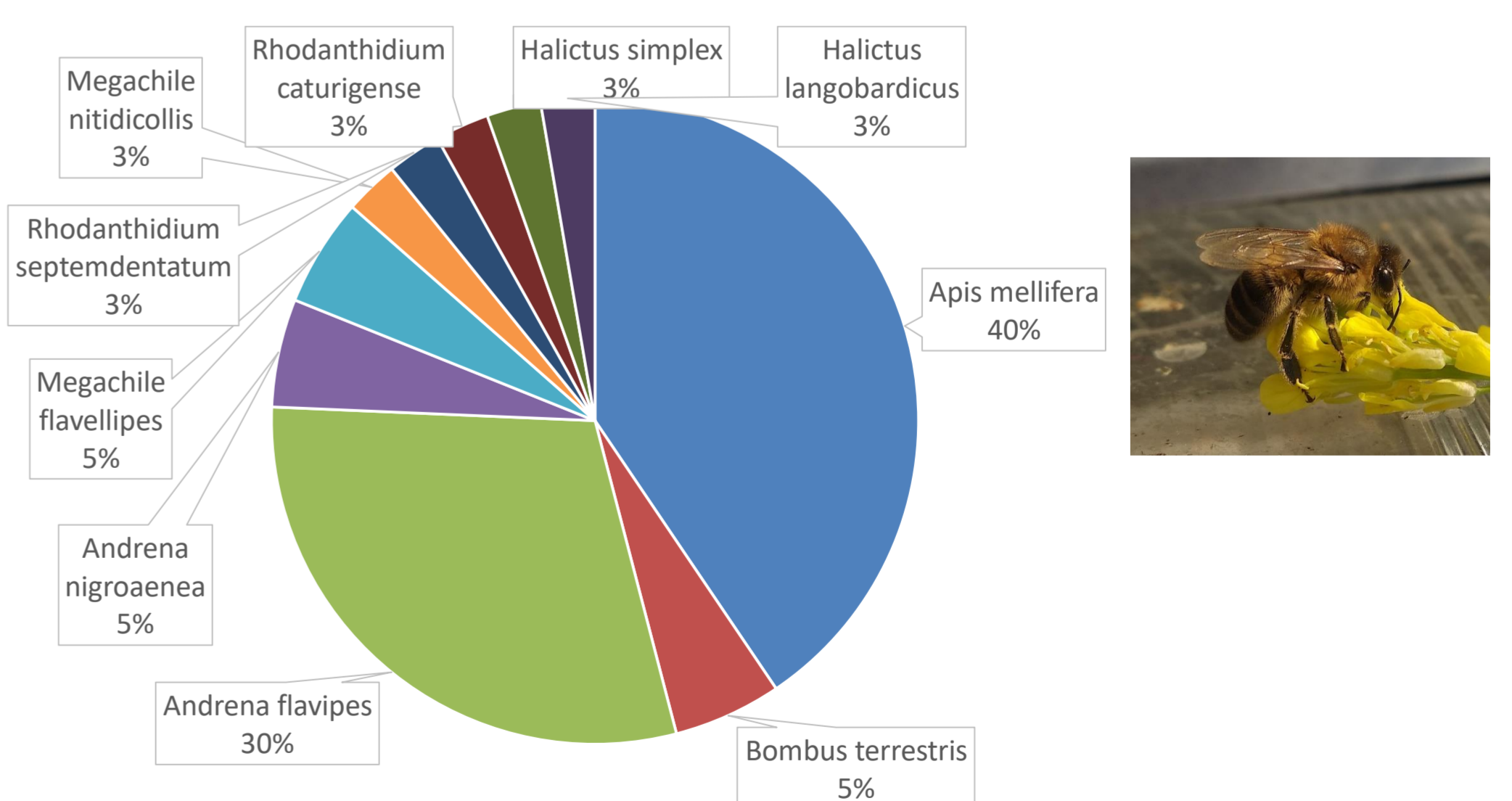


Fig. 3. Frecuencia de cada especie encontrada.

## Conclusión

La biodiversidad observada es alta en un campo en el que la actividad agrícola cesó hace un tiempo, y se ve dominada por dos especies principales, siendo la más frecuente la abeja de la miel que es el polinizador más generalista en los ecosistemas al ser manejada por parte de los apicultores.