

## Caracterización molecular del complejo picudo de plátano (coleóptera: curculionidae), géneros *Cosmopolites* y *Metamasius*, en tres localidades de Colombia

<sup>1</sup>Diana Nataly Duque Gamboa\*, <sup>2</sup>Ana Milena Caicedo Vallejo, <sup>1</sup>James Montoya-Lerma, <sup>4</sup>Luis Fernando Vallejo Espinosa, <sup>2,5</sup>Jaime Eduardo Muñoz Flórez

<sup>1</sup> Facultad Ciencias, Universidad del Valle, Cali, Valle del Cauca, Colombia. <sup>2</sup> Grupo de investigación en Diversidad Biológica Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. Valle del Cauca, Colombia. <sup>3</sup> Facultad Ciencias, Universidad del Valle, Cali, Valle del Cauca, Colombia. <sup>4</sup> Facultad de Agronomía, Universidad de Caldas, Manizales, Caldas, Colombia. <sup>5</sup> Departamento de Ciencias Agrícolas, Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, AA.237, Palmira, Valle del Cauca, Colombia. Autor para correspondencia: nanaduque17@gmail.com

**Palabras clave:** *Cosmopolites sordidus*, *Metamasius hemipterus*, *Metamasius hebetatus*, *M. submaculatus*; caracterización

El plátano es un cultivo importante en el mundo y es considerado alimento básico en países tropicales y fuente de ingresos para mercados locales e internacionales. En la zona central cafetera de Colombia se concentra el 60% de la producción. Entre los insectos-plaga más severos asociados con este cultivo se encuentran los picudos *Cosmopolites sordidus* (Germar), *Metamasius hemipterus* (Linnaeus) y *Metamasius hebetatus* (Gyllenhal), y el *C. sordidus* es el de mayor importancia en estos cultivos. La identificación precisa de las diferentes especies que conforman el complejo es esencial para la adopción de monitoreos apropiados y desarrollo de estrategias eficientes de manejo. No obstante, no existen estudios de caracterización molecular de especies del complejo y sólo se cuenta con claves taxonómicas basadas en caracteres morfológicos. El objetivo de este estudio fue discriminar las principales especies del complejo picudo del plátano con el análisis molecular de un fragmento del gen *citocromo oxidasa I* y contrastar los resultados moleculares con la diferenciación morfológica.

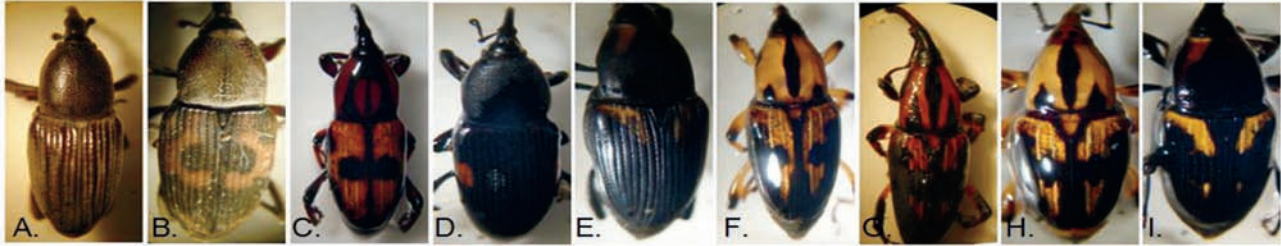
### Metodología

En tres localidades en los departamentos de Valle del Cauca, Caldas y Quindío se recolectaron adultos de las cuatro especies que conforman el complejo. La recolección se hizo por medio de trampas tipo sándwich y captura directa; los insectos se almacenaron en etanol para evitar la degradación de tejidos. Los individuos fueron identificados con base en caracteres morfológicos externos y se extrajo el ADN para la amplificación y secuenciación de la región terminal del gen COI. Los morfotipos presentes fueron determinados por observación de rasgos variables en los élitros y la coloración de los insectos. Los datos se analizaron y compararon mediante los métodos de máxima verosimilitud (modelo General Time Reverse) y Neighbor-Joining empleando el parámetro 2 de Kimura, para establecer relaciones filogenéticas.

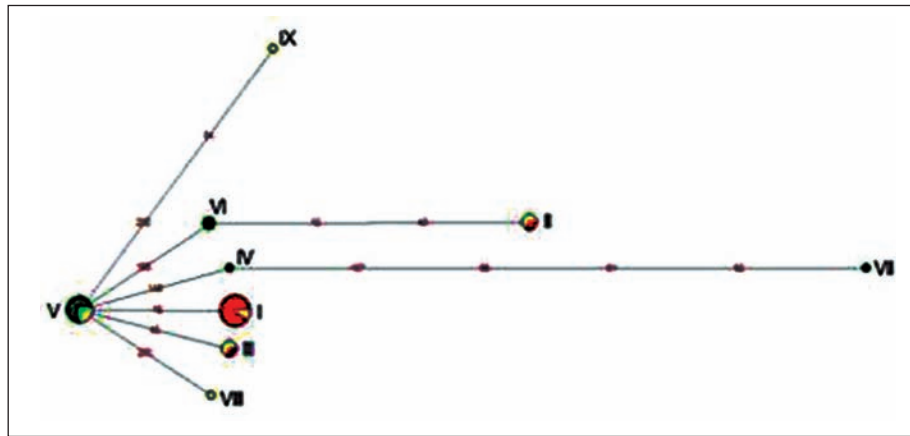
### Resultados

De los 65 individuos recolectados en las diferentes localidades de muestreo, las especies *C. sordidus* y *M. hebetatus* resultaron monomórficas y los individuos determinados no presentaron variaciones en los patrones de coloración de los élitros (Figura 1.A., B). De *M. submaculatus* se encontraron dos individuos de color negro (Figura 1.D), muy diferente del morfotipo que se encontró en el resto de los individuos de esta especie y que corresponde a la de su tipo (Figura 1.C). La especie más variable fue *M. hemipterus* con cinco morfotipos (Figura 1.E-I) determinados por observación de rasgos variables en los élitros como la coloración y patrones de distribución de manchas.

Los resultados moleculares mostraron que la región analizada del COI en *C. sordidus*, *M. hebetatus* y *M. submaculatus* es conservada al presentar haplotipos homogéneos y variable en *M. hemipterus*, con un total de nueve haplotipos entre las localidades de la muestra. Con el análisis de estos haplotipos entre las poblaciones se determinó que no existe una correlación entre ellos y los morfotipos determinados morfológicamente. Al hacer una red de haplotipos (Figura 2) se encontró que la localidad de Caldas es el centro de origen de dispersión al presentar el haplotipo ancestral, del cual derivan los demás haplotipos encontrados. El análisis filogenético mostró concordancia entre la discriminación molecular de las especies y la caracterización morfológica.



**Figura 1.** Morfotipos especies complejo picudo del plátano: A. Morfotipo 1 de *C. sordidus*; B. Morfotipo 1 de *M. hebetatus*. C. Morfotipo 1 de *M. submaculatus*. D. Morfotipo 2 de *M. submaculatus*. E. Morfotipo 1 de *M. hemipterus*. F. Morfotipo 2 de *M. hemipterus*. G. Morfotipo 3 de *M. hemipterus*. H. Morfotipo 4 de *M. hemipterus*. I. Morfotipo 5 de *M. hemipterus*.



**Figura 2.** Red de haplotipos para las secuencias de *M. hemipterus* con el paquete estadístico Network 4.5.1.0. Los haplotipos están designados por números romanos, cada círculo corresponde a un haplotipo. El color rojo corresponde a la localidad del Valle del Cauca, el verde representa la localidad de Caldas y el amarillo, a la localidad de Quindío. Cada número rojo entre haplotipos representa un cambio mutacional.

### Conclusión

Se concluye que el análisis de secuencias de la región COI es una herramienta útil para discriminar las especies del complejo picudo de plátano, pero no para morfotipos de *M. hemipterus*.

### Agradecimientos

Al grupo de diversidad biológica de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira por la financiación y a Andrés Mauricio Posso por la asistencia en el laboratorio. A los estudiantes de maestría y doctorado, Yherson Molina y Leonardo Arias por su colaboración con el manejo de los programas de análisis de datos moleculares.