



UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA

**Identificación de Lonchaeidae
(Diptera: Tephritoidea) asociados a
pasifloras en el departamento de
Antioquia, con énfasis en el género
Lonchaea Fallen 1820.**

Francisco Javier Balseiro Teherán

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias, Escuela de Biociencias
Medellín, Colombia
2020

Identificación de Lonchaeidae (Diptera: Tephritoidea) asociados a pasifloras en el departamento de Antioquia, con énfasis en el género *Lonchaea* Fallen 1820.

Francisco Javier Balseiro Teherán

Tesis de investigación presentada como requisito parcial para optar al título

Magister en Ciencias Entomología

Director (a):

PhD.MSc., Sandra Inés Uribe Soto

Codirector (a):

MSc., Pedro Rodríguez Clavijo

Línea de Investigación:

Taxonomía y Sistemática

Grupo de Investigación:

SISTEMATICA MOLECULAR

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias, Escuela: Biociencias

Medellín, Colombia

2020

A mi familia y a todos los que perciben
el polvo levantado por los pies en el camino.

*Vosotras, las familiares,
inevitables golosas,
vosotras, moscas vulgares,
me evocáis todas las cosas.
¡Oh, viejas moscas voraces
como abejas en abril,
viejas moscas pertinaces
sobre mi calva infantil!
¡Moscas del primer hastío
en el salón familiar,
las claras tardes de estío
en que yo empecé a soñar!
Y en la aborrecida escuela,
raudas moscas divertidas,
perseguidas
por amor de lo que vuela,
—que todo es volar—, sonoras
rebotando en los cristales
en los días otoñales...
Moscas de todas las horas,
de infancia y adolescencia,
de mi juventud dorada;
de esta segunda inocencia,
que da en no creer en nada,
de siempre... Moscas vulgares,
que de puro familiares*

*no tendréis digno cantor:
yo sé que os habéis posado
sobre el juguete encantado,
sobre el librote cerrado,
sobre la carta de amor,
sobre los párpados yertos
de los muertos.
Inevitables golosas,
que ni labráis como abejas,
ni brilláis cual mariposas;
pequeñitas, revoltosas,
vosotras, amigas viejas,
me evocáis todas las cosas.*

Antonio Machado

Declaración de obra original

Yo declaro lo siguiente:

He leído el Acuerdo 035 de 2003 del Consejo Académico de la Universidad Nacional. «Reglamento sobre propiedad intelectual» y la Normatividad Nacional relacionada con el respeto de los derechos de autor. Esta disertación representa mi trabajo original, excepto donde he reconocido las ideas, las palabras, o materiales de otros autores.

Cuando se han presentado ideas o palabras de otros autores en esta disertación, he realizado su respectivo reconocimiento aplicando correctamente los esquemas de citas y referencias bibliográficas en el estilo requerido.

He obtenido el permiso del autor o editor para incluir cualquier material con derechos de autor (por ejemplo, tablas, figuras, instrumentos de encuesta o grandes porciones de texto).

Por último, he sometido esta disertación a la herramienta de integridad académica, definida por la universidad.

Francisco Javier Balseiro Teherán

Fecha 15/12/2020

Agradecimientos

De antemano he de agradecer a todos aquellos que de alguna manera colocaron su grano de arena para que este proyecto fuera posible.

A la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín y su maestría en Ciencias: Entomología por aportar en mi formación académica,

A la profesora Sandra Inés Uribe por guiarme en la formulación y ejecución del proyecto y sus recomendaciones precisas en el área molecular.

Al entomólogo Pedro Rodríguez por su apoyo incondicional y al Instituto Colombiano Agropecuario ICA por aportar el material y permitirme usar sus instalaciones.

A Carlos Palacios por hacer de los procesos moleculares algo de fácil adopción

A los compañeros del posgrado por acompañarme en este proceso de aprendizaje

A John Albeiro Quiroz por sus consejos y disposición a colaborar en procesos taxonómicos

A Gonzalo Abril y Allan Smith Pardo por sus enseñar por enseñar con el ejemplo el amor por la entomología.

Al grupo de Sistemática Molecular (GSM) por su apoyo en temas bioinformáticas y de otra índole.

Resumen

Identificación de Lonchaeidae (Diptera: Tephritoidea) asociados a pasifloras en el departamento de Antioquia, con énfasis en el género *Lonchaea* Fallen 1820.

La familia Lonchaeidae (Loew, 1861) es un grupo de insectos que se presume podría tener una amplia distribución en Colombia; sin embargo, son pocos los registros sobre la presencia de especies que se tiene hasta la fecha, que en parte puede relacionarse con la escasez de expertos en la taxonomía del grupo y por el desconocimiento de sus especies. Normalmente se les asocia con la familia de plantas Passifloraceae por ser consideradas como plagas potenciales con alto impacto económico en cultivos comerciales (Por ej. Maracuyá, granadilla y gulupa). Para contribuir al conocimiento de este grupo en Antioquia y el país, se realizó este estudio con la finalidad de reconocer e identificar taxonómicamente los géneros y especies colectados en sistemas productivos de pasifloras en el departamento de Antioquia y evaluar la correlación morfología-molecular para las especies del género *Lonchaea* encontradas. A partir de 1592 especímenes provenientes del monitoreo del sistema nacional de moscas de la fruta del Instituto Colombiano Agropecuario ICA, revisados e incluidos en 100 muestras provenientes de 42 puntos de muestreo se identificaron 15 especies de tres géneros así: 6 de *Dasiops* Rondani, 2 de *Neosilba* McAlpine, 7 de *Lonchaea* Fallèn además de 4 morfoespecies de este último género. *Lonchaea cristula*, y *Dasiops gracilis* fueron las especies más comunes en el presente estudio con un 35% y 36 % respectivamente del total de los individuos revisados.

Se aportan nuevos registros de distribución regional para las 15 especies y un nuevo registro de *Lonchaea chalybea* para el país. También se pone a disposición las primeras secuencias código de barras de ADN, del género *Lonchaea* para el trópico y se asigna la identidad de especie para las hembras con base en esta secuencia obtenida de machos previamente identificados por morfología con el apoyo de un especialista. Se propone el uso del segmento del gen mitocondrial *cox1* (Citocromo Oxidasa 1) conocido como código de barras de ADN, como un método útil para la separación de Unidades

Taxonómicas Operativas OTUS y en particular en correspondencia con las especies encontradas aquí. Esto permite la asignación rápida de individuos del género *Lonchaea*, ya sean machos, hembras, inmaduros o fragmentos de cualquier estado biológico encontrados en campo, a una especie con base en los haplotipos de este gen.

Palabras clave: Lonchaeidae, pasifloras, taxonomía, código de barras, diversidad

Abstract

Identification of Lonchaeidae (Diptera: Tephritoidea) associated with passion flowers in the department of Antioquia, with emphasis on the genus *Lonchaea* Fallen 1820.

Lonchaeidae family (Loew, 1861) is a group of insects that is presumed to have a wide distribution in Colombia; However, there are few records on the presence of species to date, which in part may be related to the scarcity of experts in the taxonomy of the group and the lack of knowledge of their species. They are normally associated with the Passifloraceae family of plants because they are considered potential pests with high economic impact on commercial crops (for example passion fruit, granadilla and gulupa). To contribute to the knowledge of this group in Antioquia and the country, this study was carried out in order to recognize and identify taxonomically the genera and species collected in productive systems of passiflora in the department of Antioquia and to evaluate the morphology-molecular correlation for the species of the genus *Lonchaea* found. From 1592 specimens from the monitoring of the national fruit fly system of the Instituto Colombiano Agropecuario ICA, reviewed and included in 100 samples from 42 sampling points, 15 species of three genera were identified as follows: 6 from *Dasiops* Rondani, 2 from *Neosilba* McAlpine, 7 from *Lonchaea* Fallèn in addition to 4 morphospecies of the latter genus. *Lonchaea cristula*, and *Dasiops gracilis* were the most common species in the present study with 35% and 36% respectively of the total of the individuals reviewed.

New regional distribution records are provided for the 15 species and a new *Lonchaea chalybea* record for the country. The first DNA barcode sequences of the genus *Lonchaea* for the tropics are also made available and the species identity is assigned for the females based on this sequence obtained from males previously identified by morphology with the support of a specialist. The use of the mitochondrial gene segment *cox1* (Cytochrome Oxidase 1) known as DNA barcode is proposed as a useful method for the separation of OTUS Operative Taxonomic Units and in particular in correspondence with the species found here. This allows the rapid assignment of individuals of the genus *Lonchaea*, be they male, female, immature or fragments of any biological state found in the field, to a species based on the haplotypes of this gene.

Keywords: Lonchaeidae, passion flowers, taxonomy, barcode, diversity.

Contenido

	Pág.
Resumen	¡Error! Marcador no definido.
Lista de figuras	¡Error! Marcador no definido.
Lista de tablas	¡Error! Marcador no definido.
Introducción	¡Error! Marcador no definido.
Marco teórico	4
OBJETIVOS	9
1. Capítulo 1	11
1.1 Introducción.....	12
1.2 Materiales y métodos.....	14
1.2.1 Origen geográfico de las muestras.....	14
1.2.2 Selección del material entomológico.....	15
1.2.3 Determinación taxonómica de las muestras a nivel de género y especie.....	16
1.2.4 Elaboración de mapas.....	17
1.3 Resultados y discusión.....	17
1.3.1 Especies colectadas en muestreo directo.....	20
1.3.2 Especies de Lonchaeidae, colectadas únicamente en trampa McPhail.....	28
1.3.3 Clave taxonómica para identificación de especies del género <i>Lonchaea</i> Fallen (Lonchaeidae: Diptera) de Colombia (basado en machos, Rodríguez & Balseiro 2020).....	49
2. Capítulo 2	59
2.1 Introducción.....	60
2.2 Materiales y métodos.....	63
2.2.1 Extracción de ADN.....	64
2.2.2 Amplificación.....	64
2.2.3 Secuenciación.....	65
2.2.4 Edición de secuencias.....	65
2.2.5 Evaluación de la correspondencia morfología-molecular y asignación de identidad a las hembras con base en las secuencias.....	66
2.3 Resultados.....	68
2.3.1 Alineamiento, composición y divergencia nucleotídica.....	70
2.3.2 Divergencia intraespecífica.....	73
2.3.3 Divergencia interespecífica.....	74

XIV Identificación de Lonchaeidae (Diptera: Tephritoidea) asociados a pasifloras en el departamento de Antioquia, con énfasis en el género *Lonchaea* Fallen 1820.

2.3.4	Asignación de identidad de las hembras y morfotipos sin asignación por morfología.....	75
2.3.5	Análisis incluyendo secuencias de bases de datos	79
2.4	Discusión	81
3.	Conclusiones y recomendaciones	89
3.1	Conclusiones	89
3.2	Recomendaciones	90
A.	Sistema de vigilancia de moscas de la fruta del ICA en predios productores de pasifloras del departamento de Antioquia	98
B.	Genitalias de las hembras corroboradas por morfología y molecular	99
C.	Distancias genéticas.....	100
	Bibliografía	103

Lista de figuras

	Pág.
Figura 1-1. <i>Dasiops inedulis</i> Steyskal A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	21
Figura 1-2. Distribución <i>Dasiops inedulis</i> Steyskal en el departamento de Antioquia.....	22
Figura 1-3. <i>Dasiops gracilis</i> Norrbom y McAlpine A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	23
Figura 1-4. Distribución <i>Dasiops gracilis</i> Norrbom y McAlpine en el departamento de Antioquia.....	25
Figura 1-5: <i>Neosilba batesi</i> Curran A. Vista ventral. B. Vista lateral. C. Base del epandrium, detalle de los parameros. D. Detalle de las prensisetas.....	26
Figura 1-6: Distribución <i>Neosilba batesi</i> en el departamento de Antioquia.....	28
Figura 1-7. <i>Dasiops brevicornis</i> Williston A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	29
Figura 1-8. Distribución <i>Dasiops brevicornis</i> Williston en el departamento de Antioquia.....	30
Figura 1-9. <i>Dasiops caustonae</i> Norrbom y McAlpine A. Habitus vista lateral. B. Ojos micropubescentes. C. Genitalia de la hembra.....	30
Figura 1-10. Distribución <i>Dasiops caustonae</i> en el departamento de Antioquia.....	31
Figura 1-11. <i>Dasiops curubae</i> Norrbom y McAlpine A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	32
Figura 1-12. Distribución <i>Dasiops curubae</i> Steyskal en el departamento de Antioquia.....	33
Figura 1-13. <i>Dasiops rugifrons</i> Hennig A. Habitus vista lateral, detalle del cuerpo fuertemente metalizado. B. Frente fuertemente rugosa y Lúnula setulosa. C. Genitalia de la hembra.	33
Figura 1-14. Distribución <i>Dasiops rugifrons</i> en el departamento de Antioquia.....	34
Figura 1-15: <i>Neosilba distospinosa</i> Galeano & Canal A. Vista ventral; B. Vista lateral; C. Ápice del filamento del aedeagus; D. Base del filamento del aedeagus (vista lateral); E.	

Parámetros y gonopodita (vista ventral del epandrium); F. Ápice del epandrium (vista ventral) detalles de las prensisetas.....	35
Figura 1-16: Distribución <i>Neosilba distospinosa</i> en el departamento de Antioquia.....	37
Figura 1-17: <i>Lonchaea aculeata</i> . ♂. A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	37
Figura 1-18: Distribución de <i>Lonchaea aculeata</i> en el departamento de Antioquia.....	39
Figura 1-19: <i>Lonchaea chalybea</i> . ♂. A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra	39
Figura 1-20: Distribución de <i>Lonchaea chalybea</i> en el departamento de Antioquia.....	40
Figura 1-21: <i>Lonchaea cristula</i> . ♂. A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	41
Figura 1-22: Distribución de <i>Lonchaea cristula</i> en el departamento de Antioquia.....	42
Figura 1-23: <i>Lonchaea curiosa</i> . ♂. A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	43
Figura 1-24: Distribución de <i>Lonchaea curiosa</i> en el departamento de Antioquia.....	44
Figura 1-25: <i>Lonchaea echinappina</i> . ♂. A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	44
Figura 1-26: Distribución de <i>Lonchaea echinappina</i> en el departamento de Antioquia.....	46
Figura 1-27: <i>Lonchaea longicornis</i> . ♂. A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	46
Figura 1-28: Distribución de <i>Lonchaea longicornis</i> en el departamento de Antioquia.....	48
Figura 1-29: <i>Lonchaea striatifrons</i> . ♂. A. Habitus vista lateral. B. Genitalia de la hembra.....	48
Figura 1-30: Distribución de <i>Lonchaea striatifrons</i> en el departamento de Antioquia.....	50
Figura 1-31: <i>Lonchaea chalybea</i> Wiedemann (1830) ♂. 1. Habitus en vista dorsal. 2. Detalle de la coloración de los tarsos. 3. Genitalia en vista ventral. 4. Genitalia en vista lateral.....	52
Figura 1-32: <i>Lonchaea longicornis</i> Williston 5. Genitalia en vista lateral. 6. Genitalia en vista ventral. 7. Ala derecha.	53
Figura 1-33: <i>Lonchaea striatifrons</i> Malloch 8. Genitalia en vista lateral. 9. Genitalia en vista ventral. 10. Espinas del metatarso posterior.....	54
Figura 1-34: <i>Lonchaea aculeata</i> Bezzi 11. Genitalia en vista lateral. 12. Genitalia en vista ventral. 13. Ala derecha.....	54
Figura 1-35: <i>Lonchaea echinappina</i> McAlpine 14. Genitalia en vista lateral. 15. Genitalia en vista ventral.....	56
Figura 1-36: <i>Lonchaea curiosa</i> McAlpine 16. Genitalia en vista lateral. 17. Genitalia en vista ventral.....	56

Figura 1-37: <i>Lonchaea cristula</i> McAlpine 18. Genitalia en vista lateral. 19. Genitalia en vista ventral.....	57
Figura 2-1: Distribución de frecuencias de divergencia genética intraespecífica e interespecífica de especímenes del género <i>Lonchaea</i> de Colombia.....	77
Figura 2-2: Dendrograma de NJ con el modelo K2P y bootstrapp de 10000 réplicas para todas las secuencias obtenidas.....	79
Figura 2-3: Dendrograma de NJ con el modelo K2P y bootstrapp de 10000 réplicas para todas las secuencias obtenidas más 26 secuencias del género <i>Lonchaea</i> de las bases de datos.....	83

Lista de tablas

	Pág.
Tabla 1-2: Número de individuos de la familia Lonchaeidae encontrados en cada una de los sitios de colecta.....	18
Tabla 1-2: Distribución de especies encontradas de acuerdo al método de colecta	20
Tabla 2-1: Códigos de las secuencias <i>coxI</i> de especies de <i>Lonchaea</i> colectados en Canadá y Europa relacionando especie, localidad y sexo.....	70
Tabla 2-2: Códigos de las secuencias <i>coxI</i> de especies de <i>Lonchaea</i> colectados en Canadá y Europa relacionando especie, localidad y sexo.....	72
Tabla 2-3: Haplotipos de las secuencias <i>coxI</i>	74
Tabla 2-4: Distribución de los haplogrupos o M-OTUs obtenidos a través de ABGD (Results of the Automatic Barcode Gap Discovery)	80
Tabla 2-5: Resultados del análisis ABGD (Results of the Automatic Barcode Gap Discovery)	81

Introducción

Los dípteros son uno de los grupos más diversos de seres vivos del planeta y el orden que los incluye Diptera, es considerado uno de los que más afecciones le causa al ser humano. Los insectos de este grupo, están distribuidos en todas las latitudes y de acuerdo con Yeates *et al.*, (2007), cuentan con al menos 150.000 especies descritas y agrupadas en 150 familias. Diptera conforma uno de los principales órdenes de insectos con importancia ecológica y económica, ya que muchos de sus integrantes actúan como recicladores, descomponedores, polinizadores, depredadores, vectores biológicos y mecánicos de enfermedades o como plagas de plantas. Esto se relaciona con sus hábitos alimenticios en los estados biológicos de larva y adulto y con su biología Courtney *et al.*, (2009). Especies polípagas y oligófagas de Tephritidae (mosca de la fruta) y Lonchaeidae (mosca de lanza) (Tephritoidea) son las principales plagas de la horticultura en la región neotropical, lo que ha generado medidas de cuarentena en varios países, ejerciendo una influencia significativa en el comercio dentro y fuera de los países que producen frutas y verduras en todo el mundo (Uchôa & Nicácio, 2010).

De acuerdo con Lyal *et al.*, (2008), la identificación taxonómica es fundamental para todas las demás aplicaciones biológicas y constituye la clave para acceder al conocimiento acumulado de cualquier organismo. Si bien este conocimiento aparece cada vez más en Internet, un cuello de botella que limita el acceso al mismo, suele ser la identificación taxonómica de la cual en el caso de organismos de importancia económica dependen grandemente las actividades de vigilancia y control. La profundidad de la identificación taxonómica puede realizarse hasta diferentes categorías, incluyendo las especies y las morfoespecies, aunque en ocasiones sólo es posible identificar

especímenes hasta género. Lo importante es evaluar si con las categorías obtenidas, alcanza para descartar o confirmar un organismo que se sospecha es importante y tomar medidas para su manejo.

Las larvas de la familia Lonchaeidae se asocian con una amplia variedad de hábitos, incluyendo saprofagia, zoofagia y fitofagia Macgowan & Rotheray, (2019), en esta última categoría, se ha encontrado géneros como *Lamprolonchaea* Bezzi 1920, *Lonchaea* Fallen 1820 y *Silba* Macquart 1851, cuyos individuos han sido criados a partir de frutas siendo considerados como invasores primarios y/o secundarios, con alto potencial e impacto económico (Uchôa Fernandes & Zucchi, 1999; Da Silva et al., 2006; Leal et al., 2009; Blacket & Malipatil, 2010; Moreno et al., 2015; Saavedra-Díaz et al., 2017). También han sido reportados en una amplia variedad de frutas, vegetales, cactus y otras materias orgánicas en descomposición, incluyendo cadáveres. Especies de *Dasiops* Rondani y *Lonchaea* Fallen, viven bajo la corteza de árboles muertos o moribundos, especialmente de coníferas, a menudo en asociación con escarabajos y gorgojos; especies de *Earomyia* Zetterstedt se han registrado en piñones y otras viven en flores y coronas (McAlpine, 1987) y en brotes terminales (Korytkowski & Ojeda, 1971).

De la familia Lonchaeidae se han registrado 44 especies para Colombia, distribuidas en tres géneros (*Dasiops*, *Lonchaea* y *Neosilba*). Sin embargo, no existen estudios que reúnan todas las especies de la familia para el país, ni hay disponibles claves taxonómicas que generen una idea de la diversidad de la familia y de su distribución. Lo mismo sucede para las especies del género *Lonchaea*, lo que ha llevado a utilizar claves de otras latitudes.

Los estudios taxonómicos son importantes para comprender la ecología de las especies de la familia Lonchaeidae, especialmente porque algunas de ellas se informan como plagas agrícolas. Al realizar un paralelo sobre este género comparando el número de especies registradas para la región palearctica y el neotrópico, se hace evidente la necesidad de investigar la diversidad para esta última región y la función que cumplen las especies en los agroecosistemas. Cabe añadir que, en la mayoría de los estudios realizados en países tropicales de América (Uchôa Fernandes & Zucchi, 1999; Da Silva et al., 2006; Leal et al., 2009; Blacket & Malipatil, 2010; Moreno et al., 2015; Saavedra-Díaz et al., 2017) en la relación con moscas asociadas a frutales, se reporta el género *Lonchaea*, dejando en evidencia la necesidad de conocer su diversidad, así como las preferencias tróficas de las especies que lo conforman.

Para Colombia los trabajos relacionados con taxonomía del género *Lonchaea* son escasos, por ello se considera urgente trabajar en su estudio y en el reconocimiento de las especies que lo conforman. De acuerdo con los hábitos conocidos para la familia y con base en los registros de otros países, este género es potencialmente plaga en cultivos de pasifloras y cactáceas de acuerdo a Chacón (1984) y Medina & Takumasa, (2012) respectivamente. Al respecto, Korytkowski & Ojeda, (1971) y Luna, (1987), realizaron una revisión de especies neotropicales donde se registran 30 y 24 especies respectivamente para el neotrópico; sin embargo, es probable que el número sea mayor. Los trabajos realizados por Korytkowski & Ojeda, 1971; Luna, 1987; Saavedra-Díaz et al. (2017) registran seis especies del género *Lonchaea* para Colombia hasta el año 2017, pero teniendo en cuenta las 218 especies descritas a nivel mundial y la poca información existente sobre el grupo en el país, es, que el número de especies sea exponencialmente mayor.

En el presente trabajo se evaluó la presencia e identidad taxonómica de moscas pertenecientes a la familia Lonchaeidae en cultivos de pasifloras del departamento de Antioquia, usando tanto morfología como datos moleculares, con el fin de proporcionar

herramientas de identificación aplicables para cualquier individuo del grupo que pueda ser encontrado en campo, en cualquiera de sus estados biológicos.

Se estructuró el documento en dos capítulos, enfocando el primero en la morfología y el reconocimiento de las especies con base en su variabilidad y el reconocimiento de caracteres diagnósticos y el segundo, en el cual se analiza la asignación de los códigos de barras de ADN a los especímenes estudiados por morfología y su utilidad para diferenciar especies y M-OTUs y asignación de identidad a las hembras, considerando que, para estas últimas, la morfología no lo permite fácilmente.

Marco teórico

Familia Lonchaeidae

Los Lonchaeidae pertenecen a la superfamilia Tephritoidea y pueden ser el clado más basal de la superfamilia (McAlpine 1989; Korneyev 1999). Korneyev, (1999) dividió la superfamilia Tephritoidea en dos secciones, una "Tephritoidea superior" monofilética, que comprende Ulidiidae (= Otitidae y Pterocallidae), Platystomatidae, Pyrgotidae y Tephritidae y "una parafilética ": Lonchaeidae, Piophilidae, Pallopteridae y Richardiidae. Lonchaeidae contiene nueve géneros, divididos en dos subfamilias: Dasiopinae, que incluye solo a *Dasiops* y Lonchaeinae, que incluye los otros géneros, divididos en dos

tribus, Earomyiini y Lonchaeini, cada una con cuatro géneros. McAlpine en 1962, proporcionó un análisis sobre las relaciones filogenéticas entre y dentro de los géneros, sin que se conozca algún trabajo similar más reciente. No se conoce especies fósiles. Los fósiles descritos anteriormente en la familia han sido transferidos a otros grupos McAlpine, (1987).

Los Lonchaeidae son moscas pubescentes de cuerpo robusto, con tamaños entre 3-6 mm de largo, generalmente de color negro azulado brillante, a veces de color marrón opaco, con una cabeza ancha y alta y un abdomen ancho y plano. Las alas son generalmente claras, ocasionalmente amarillentas a infuscadas. Los halterios son negros McAlpine, (1987).

Hay aproximadamente 570 especies en nueve géneros de Lonchaeidae reconocidas a nivel mundial Macgowan & Rotheray, (2019). Las larvas de Lonchaeidae son principalmente seguidoras del material vegetal en descomposición, pero algunas especies son invasoras primarias del tejido vegetal. Una gran variedad vive en frutas, hortalizas, cactus y otras materias orgánicas en descomposición. Muchas especies de *Dasiops* y *Lonchaea* viven bajo la corteza de árboles muertos o moribundos, especialmente coníferas, a menudo en asociación con escarabajos y gorgojos; algunas especies de *Earomyia*, viven en conos, principalmente en asociación con Cecidomyiidae y otros invasores primarios; otras viven en cabezas de flores y en coronas de raíz Korytkowski & Norrbom, (2010).

En los últimos años se ha descrito alrededor de setenta especies. Sin embargo, estos trabajos siguen siendo insuficientes para el conocimiento de la diversidad de la familia sobre todo considerando que pocos son de la región tropical donde se estima el mayor

número de especies para el grupo. (Macgowan, 2001, 2005, 2007a,2007b, 2013, 2014a,2014b, 2016; Galeano-Olaya & Canal, 2012).

El género *Lonchaea* Fallen 1820

Lonchaea Fallen (Lonchaeinae: Lonchaeini), es el género más grande en la familia, se encuentra en todas las regiones zoogeográficas, excepto la Antártida, con 218 especies descritas Macgowan & Rotheray, (2019).

Según Yin *et al.*, (2004) las especies de este género, son moscas de tamaño variable, desde pequeñas hasta moderadamente grandes; con el cuerpo negro brillante o con brillos azulados de diversa intensidad. Frente relativamente estrecha. Ojos compuestos pilosos o desnudos. Lúnula pequeña, con setulae siempre presentes, aunque algunas veces estas son muy pequeñas o escasas. Facia sin carina pronunciada y glabra. Antenas casi juntas en la base; con el tercer segmento antenal oval o claramente alargado, relativamente largo en comparación con *Dasiops* Rondani, alcanzando o sobrepasando ligeramente el margen oral; arista desnuda o pubescente, nunca claramente plumosa.

Hábitos

En la región Neotropical, se reproducen en frutas dañadas (particularmente aquellas previamente atacadas por otros individuos de Tephritidae), vegetales o cactus. Muchas especies de *Dasiops* y *Lonchaea* se desarrollan bajo la corteza de árboles muertos o moribundos, a menudo en asociación con escarabajos y gorgojos; al menos algunas especies de *Lonchaea* se alimentan de escarabajos muertos o son depredadores

facultativos (quizás solo de escarabajos enfermos o lesionados), pero su papel exacto e importancia en el control de las poblaciones de escarabajos no está claro (Korytkowski & Norrbom, 2010).

Los adultos son atraídos fácilmente con cebos de proteína hidrolizada, especialmente las hembras. Las larvas habitan en órganos y tejidos vegetales previamente atacados por otros insectos, principalmente en frutos afectados por especies de Tephritidae o larvas de Lepidoptera. Sin embargo, algunas especies como *Lonchaea chalybea* Wiedemann, en yuca, han sido encontradas barrenando brotes terminales Yin *et al.*, (2004).

En Colombia se conocen pocos reportes sobre los hábitos de las especies del género *Lonchaea*. Chacón (1984) reportó a *Lonchaea cristula* McAlpine, alimentándose de los nectarios de curuba en su estado adulto y perforando el saco polínico y causando la caída de los botones florales en su estado de larva. Medina & Takumasa, (2012) reportaron a *L. longicornis* Williston (1896) como insecto nocivo en el cultivo de pitahaya amarilla.

***Lonchaea* Fallen para Colombia**

Para Colombia se ha reportado la presencia de pocas especies de este género de las cuales se desconoce su ecología o biología. De acuerdo con Korytkowski & Ojeda (1971), en el país se reportan las siguientes especies: *L. plumeus* McAlpine (1964) en la localidad de río Sambingo (Cauca), *L. curiosa* McAlpine (1964) y *L. echinapinna* McAlpine (1964) en Palmira, (Valle del Cauca).

Posteriormente Luna (1987), reportó *L. curiosa* McAlpine (1964b) en la localidad de Funza (Cundinamarca), *L. aculeata* Bezzi (1910), *L. cristula* McAlpine (1964), *L. echinapinna* McAlpine (1964) en las localidades de Popayán (Cauca) y Palmira (Valle del Cauca), y *L. longicornis* Williston (1896) registrada por el autor en St. Vincent, West Indies, y de distribución en las Antillas, Colombia y Perú, pero no se especificó de qué sitio provenían los especímenes que se referenciaron.

Recientemente Saavedra-Díaz *et al.* (2017) reportaron *L. striatifrons* Malloch (1920) y *L. longicornis* Williston (1896) en Armero Guayabal, al norte del departamento del Tolima.

Todos los trabajos donde se reporta el género *Lonchaea* para Colombia están basados en búsquedas o colectas programadas para otros grupos taxonómicos en los cuales de forma adicional se encuentran especímenes de *Lonchaea* que son mencionados y pocas veces estudiados a profundidad. En general, es claro que en el país se requiere la formación de especialistas en taxonomía de Diptera como los de este género y propiciar en ellos la adquisición de destrezas para reconocer las especies y géneros de la familia Lonchaeidae, que son denominadas colectivamente como “moscas del ovario” por referencia a la especie más determinante en temas agrícolas que es *Dasiops inedulis* Steyskal. En este contexto, debe mencionarse que la taxonomía de este género es casi inexplorada en Colombia y no existen claves actualizadas para la identificación de las especies presentes en el país.

Cultivos de pasifloras en Colombia

El consumo mundial de frutas registra una tendencia claramente en ascenso, lo cual se explica, además de los cambios en los ingresos y las estructuras poblacionales, por la creciente valoración social y científica de las propiedades nutricionales y funcionales de las frutas. En las últimas dos décadas, las importaciones hortofrutícolas mundiales han aumentado su participación dentro de la importación mundial de alimentos (Lasprilla, 2011).

De acuerdo con los datos del Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural al año 2019 las Pasifloras estaban presentes en 24 Departamentos y 422 Municipios con más de 15.000 hectáreas que representan aproximadamente 5.511 productores, los cuales están distribuidos mayormente en los departamentos de Antioquia, Valle, Huila, Boyacá y Meta.

La gulupa es la tercera especie más exportada en fresco, luego del aguacate y la uchuva, y es la más exportada de las pasifloras representando en el 2019 USD 33,3 millones, seguida por la granadilla con USD 5,1 millones y el maracuyá con USD 0.85 millones (Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, 2020).

De acuerdo con el CONPES 3514, (2008), El principal problema fitosanitario de la producción de frutas en Colombia es el ataque permanente de las moscas de las frutas principalmente de especies relacionadas al género *Anastrepha spp.* y la especie *Ceratitis capitata*, así como otras plagas de importancia económica para la producción. Para el caso de las pasifloras la familia Lonchaeidae puede causar grandes pérdidas en la producción por el ataque a flores y frutos.

Objetivos

General

Evaluar la presencia e identidad taxonómica de moscas de la familia Lonchaeidae (Diptera: Tephritoidea) asociados a pasifloras cultivadas en el departamento de Antioquia teniendo como base el material biológico proveniente del monitoreo del sistema nacional de moscas de la fruta del Instituto Colombiano Agropecuario ICA.

Específicos

- Identificar taxonómicamente los géneros y especies colectados en sistemas productivos de pasifloras en el departamento de Antioquia.
- Determinar y correlacionar la variabilidad morfológica-molecular para las especies del género *Lonchaea* encontradas y las implicaciones para la taxonomía del grupo.
- Realizar mapas de distribución geográfica de las especies en las zonas monitoreadas

1. Capítulo 1

Lonchaeidos asociados a pasifloras comerciales en el departamento de Antioquia

Resumen

Se registra la presencia de 15 especies de la familia Lonchaeidae en el departamento de Antioquia. Los especímenes fueron colectados en trampas de monitoreo tipo McPhail, frutos y botones florales de pasifloras entre enero de 2018 y enero de 2019 en predios productores de pasifloras comerciales en el departamento. Se precisan las características morfológicas para separar especies y se actualizan los datos de presencia y distribución para el país. También se aporta una clave para identificación de especies del género *Lonchaea* presentes en el país.

Palabras clave: Moscas de lanza, Región Neotropical, Diversidad, Taxonomía

Abstract

The presence of 15 species of the Lonchaeidae family is recorded in the department of Antioquia. The specimens were collected in monitoring traps type McPhail, fruits and flower buds of passion flowers between January 2018 and January 2019 in farms producing commercial passion flowers in the department. The morphological characteristics to separate species and the presence and distribution data for the country are updated. A key is also provided to identify species of the genus *Lonchaea* present in Colombia.

Key words: Lance flies, Neotropical Region, Diversity, Taxonomy

1.1 Introducción

Los insectos se relacionan de diversas formas con el hombre, las plantas y otros animales. Diferentes especies cumplen diferentes papeles en los ecosistemas desde polinización o bioindicación hasta regulación de poblaciones o como plagas. Las especies de insectos herbívoros son conocidas como “plagas” agrícolas y forestales, pero su papel ecológico es mucho más complejo, ya que con frecuencia estimulan el crecimiento vegetal, afectan el flujo de nutrientes, y alteran la velocidad y dirección de los procesos involucrados en la sucesión ecológica Schowalter, (2006). Conocer la diversidad de insectos de una región y su distribución geográfica, es fundamental para entender los ecosistemas y como base para los lineamientos de cualquier estrategia de gestión.

En relación con el presente estudio, los Andes tropicales y en particular en los que se encuentran en Colombia, de donde provienen las muestras objeto de estudio taxonómico en esta investigación, son considerados una de las 10 ecorregiones terrestres prioritarias a nivel mundial Myers, (1988). Como parte de esta ecorregión junto con Venezuela, Perú, Ecuador y Bolivia, el país, contribuye con cerca del 23% (287,720 km²) del área andina, exhibiendo un complejo mosaico de ecosistemas que son producto de la diversidad de clima, geología, geomorfología y suelos. Estos factores originan un amplio conjunto de formaciones vegetales, representadas por páramos, bosques altoandinos, andinos y subandinos con algunos enclaves secos, que han cobrado importancia en el contexto nacional y mundial por ser ecosistemas únicos, frágiles y estratégicos, donde las presiones antrópicas han reducido los hábitats para las especies que allí se desarrollan y donde los estudios taxonómicos y de diversidad biológica son relevantes, incluyendo aquellos sobre las especies de importancia económica como los dípteros incluidos en el presente estudio Armenteras *et al.*, (2003).

En Colombia los estudios en zonas andinas se han visto limitados en parte, por el conflicto armado, por la falta de financiación para la investigación y por la ausencia de especialistas en diversos grupos biológicos, entre otros aspectos.

En la presente investigación se abordó la familia Lonchaeidae del orden Diptera que en Colombia se asocia con daños producidos en cultivos de pasifloras y pitahaya. El conocimiento taxonómico de las especies y géneros que pueden habitar e interactuar en los agroecosistemas es reducido para géneros como estos sobre los cuales se debe tomar decisiones de manejo, por lo cual es necesario optimizar los esfuerzos para identificar las especies y conocer su historia natural como aspectos de base para efectos de su gestión Smith Pardo, (2009).

Existen muy pocos estudios para géneros como *Lonchaea* en el neotrópico; en trabajos realizados en países como Brasil no se llega a la identificación de especies y en los

demás países ni siquiera a nivel de género. Revisiones especializadas respecto al grupo datan de 1986 y mientras en otras latitudes han avanzado no solo en temas de identificación y ecología sino en aspectos genéticos y moleculares, en el neotrópico la taxonomía y el uso de herramientas moleculares, son áreas prácticamente inexploradas.

A diferencia de lo que ocurre con los géneros *Dasiops* y *Neosilba*, que son grupos menos diversos, el género *Lonchaea* en Colombia por no poseer una importancia agrícola documentada con claridad, ha sido relegado en términos de investigación, a pesar de que sus especies pueden ser plagas potenciales y tener también importancia demostrada en otras latitudes como indicadores de la calidad de los ecosistemas Yin *et al.*, (2004), lo cual en el trópico sería interesante evaluar.

En el presente trabajo se reportan las especies de la familia Lonchaeidae colectadas en trampas McPhail y muestreo directo de botones florales y frutos en cultivos de pasifloras en el departamento de Antioquia. Se registra su distribución geográfica y su asociación con cultivos determinados.

1.2 Materiales y métodos

1.2.1 Origen geográfico de las muestras

Las muestras revisadas se seleccionaron del monitoreo directo e indirecto realizado por el sistema de vigilancia de moscas de la fruta del Instituto Colombiano Agropecuario ICA en predios productores de pasifloras del departamento de Antioquia (ver anexo A). El

departamento de Antioquia es uno de los mayores productores de pasifloras de Colombia, por lo que la Organización Nacional de Protección Fitosanitaria ONPF del país, prioriza áreas de producción para monitoreo de plagas de interés económico y realiza planes de manejo para las mismas; igualmente establece las normas que deben cumplir los predios que desean exportar su producto a mercados internacionales considerando que el 80% de las producciones de pasifloras es para mercados externos.

1.2.2 Selección del material entomológico

Las muestras para el estudio fueron aportadas por la unidad de investigación del Instituto Colombiano Agropecuario ICA, donde se acopian las muestras del departamento de Antioquia. De acuerdo con los protocolos del ICA los predios productores de frutas reportan las colectas de moscas a razón de una trampa por cada cinco hectáreas. Los sitios de monitoreo están previamente georreferenciados a través del sistema de posicionamiento global GPS. También se analizó el material resultante del monitoreo directo ejecutado por los funcionarios del ICA de las diferentes pasifloras comerciales como granadilla (*Passiflora ligularis* Juss 1805), gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims 1818), curuba (*Passiflora tripartita* var. *mollissima* Nielsen y Jorgensen 1988 y *Passiflora tarminiana* Coppens y Barney 2001) y maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener 1932).

Partiendo de las muestras provenientes de los sitios seleccionados por el ICA para el monitoreo (de acuerdo con la Norma Internacional para Medidas Fitosanitarias NIMF 26) y con el material colectado entre marzo de 2018 y enero de 2019 se seleccionaron 100 muestras, 44 obtenidas a través de muestreo de frutos de pasifloras y 56 provenientes de trampas McPhail cebadas con proteína hidrolizada de maíz, revisadas con una

frecuencia quincenal. Las trampas estaban ubicadas en predios productores de pasifloras comerciales registrados ante el ICA. El material se encontraba preservado en alcohol etílico al 70%.

1.2.3 Determinación taxonómica de las muestras a nivel de género y especie

La identificación taxonómica se realizó con base en caracteres morfológicos mediante el empleo de claves dicotómicas para los géneros de la familia Lonchaeidae (Korytkowski & Ojeda, 1971; Steyskal 1982; Korytkowski & Norrbom, 2010; Macgowan & Rotheray, 2019). Para la determinación a nivel de género se trabajó con base en los siguientes caracteres morfológicos: presencia o ausencia de setas post-stigmas (postespiraculares) en la porción marginal del anipesterium dorsal y ligeramente posterior al espiráculo protorácico; cabeza con lúnula setulosa; color de cuerpo negro, tórax con anepisterium con setas anteriores fuertes; katepisterium con 1 o 2 setas fuertes cerca del margen dorsal. Tórax con katepisterium generalmente con 1 seta fuerte; arista antenal glabra. Para los géneros *Lonchaea* y *Neosilba* las claves están diseñadas para trabajar solamente con especímenes macho, por lo tanto, la determinación a nivel de especie se realizó con base en estos especímenes. Se trabajó con base en Korytkowski & Ojeda, (1971); Luna, (1987); Galeano-Olaya & Canal, (2012) respectivamente usando caracteres tales como: coloración de los calypteres, color de los tarsos, presencia o ausencia de brillos metálicos, coloración antenal, longitud del tercer segmento antenal y otros caracteres de la genitalia del macho. Para la identificación de especies del género *Dasiops* se trabajó con hembras usando caracteres como coloración y tamaño de las alas; forma del syntergosternito; número de taenias; coloración de tarsos; longitud y características del aculeus. La revisión de las estructuras morfológicas se realizó utilizando un estereomicroscopio marca Nikon SMZ1000 y un microscopio Nikon Eclipse Ci. La medición de estructuras se realizó con un una cámara especializada

Nikon DS-Fi2 y controlador DSL3 que incluye un software de medición para todos los caracteres.

Las especies identificadas fueron verificadas por un experto del Instituto Colombiano Agropecuario ICA y las especies del género *Lonchaea* fueron corroboradas por el experto Iain MacGowan quien es investigador asociado honorario del Departamento de Ciencias Naturales de los Museos Nacionales de Escocia e investiga la taxonomía de Lonchaeidae del mundo y la conservación de dípteros saproxílicos.

Los especímenes coleccionados y montados en alfiler entomológico, fueron depositados en la colección del Museo Entomológico Francisco Luis Gallego de la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín MEFLG (NC MEFLG 50849 a MEFLF 50950) y en la Colección de moscas de la fruta del Instituto Colombiano Agropecuario ICA Tibaitatá ICAMF.

1.2.4 Elaboración de mapas

Para la elaboración de mapas de cada una de las especies identificadas se utilizó el programa QGIS (anteriormente llamado también Quantum GIS) que es un Sistema de Información Geográfica (SIG) de software libre (<https://www.qgis.org/es/site/>). Se transformaron las coordenadas geográficas de cada sitio de colecta a coordenadas planas decimales con el fin de obtener un archivo compatible con el programa.

1.3 Resultados y discusión

Se analizaron en total 1592 especímenes distribuidos en 100 muestras provenientes de 14 municipios y 42 localidades o puntos de muestreo (tabla 1-1).

18 Identificación de Lonchaeidae (Diptera: Tephritoidea) asociados a pasifloras en el departamento de Antioquia, con énfasis en el género *Lonchaea* Fallen 1820

Tabla 1-1: Número de individuos de la familia Lonchaeidae encontrados en cada una de los sitios de colecta.

LOCALIDAD	TIPO DE COLECTA	# INDIVIDUOS
Colombia, Antioquia, Ciudad Bolivar, Paraje Remolinos	Muestreo de frutos-Maracuyá	79
Colombia, Antioquia, Girardota, El Totumo, La Aurora	Muestreo de frutos-Granadilla	18
Colombia, Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Trampa McPhail	65
Colombia, Antioquia, Abejorral, La Esperanza, Los Asientos	Trampa McPhail	4
Colombia, Antioquia, El Peñol, Horizonte, San Bartolo	Trampa McPhail	54
Colombia, Antioquia, Fredonia, Chambuscado, Agua Linda	Muestreo de frutos-Maracuyá	9
Colombia, Antioquia, Ebejico, Campo Alegre, Andaluz	Muestreo de frutos-Maracuyá	12
Colombia, Antioquia, Sonsón, Aures Ventiadero, La Esperanza	Muestreo de frutos-Gulupa	72
Colombia, Antioquia, Jericó, Quebradona, El Encanto	Muestreo de frutos-Gulupa	64
Colombia, Antioquia, Abejorral, NI, San Felipe	Trampa McPhail	55
Colombia, Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Trampa McPhail	317
Colombia, Antioquia, Guarne, Las Hojas, NR	Trampa McPhail	52
Colombia, Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Muestreo de frutos-Gulupa	56
Colombia, Antioquia, San Vicente, NI, La Tomatera	Trampa McPhail	46
Colombia, Antioquia, Guarne, NI, El Tesoro	Trampa McPhail	35
Colombia, Antioquia, La Ceja, Llanadas, Manantial 1	Trampa McPhail	49
Colombia, Antioquia, El Peñol, La Meseta, El Guadual	Trampa McPhail	30
Colombia, Antioquia, Jericó, Vallecitos, La Aurora	Trampa McPhail	71
Colombia, Antioquia, Guarne, Monte Oscuro, El Arrayan	Muestreo de frutos-Gulupa	157
Colombia, Antioquia, Rionegro, Rio Abajo, La Cristalina	Muestreo de frutos-Gulupa	2
Colombia, Antioquia, Guarne, Guapante, La Cabaña	Muestreo de frutos-Gulupa	2
Colombia, Antioquia, Guarne, Guapante, El Medio	Muestreo de frutos-Gulupa	23
Colombia, Antioquia, Abejorral, La Esperanza, Agroaves s.a. s	Trampa McPhail	18
Colombia, Antioquia, Sonsón, Fonda Rancho de Latas	Muestreo de frutos-Granadilla	10
Colombia, Antioquia, Sonsón, Aures Ventiadero, La Esperanza	Muestreo de frutos-Gulupa	46
Colombia, Antioquia, Sonsón, Aures Ventiadero, NR	Muestreo de frutos-Gulupa	3
Colombia, Antioquia, La Ceja, Barrio La Cruz, Casa Redonda	Muestreo de frutos-Gulupa	10
Colombia, Antioquia, Marinilla, Alto del Palmar, La Honda	Muestreo de frutos-Gulupa	12
Colombia, Antioquia, Guarne, Guapante Abajo, El Tesoro	Muestreo de frutos-Gulupa	1
Colombia, Antioquia, Sonsón, La Labor, La Esperanza	Muestreo de frutos-Gulupa	14
Colombia, Antioquia, Sonsón, Guamal, El Zarzal	Muestreo de frutos-Gulupa	4
Colombia, Antioquia, Sonsón, Tasajo, San Antonio	Muestreo de frutos-Gulupa	23
Colombia, Antioquia, Sonsón, Guamal, Villa Ester	Muestreo de frutos-Gulupa	9
Colombia, Antioquia, Sonsón, Toldas, Borrachero	Muestreo de frutos-Gulupa	7
Colombia, Antioquia, Sonsón, Argentina, Vía Sonsón	Muestreo de frutos-Gulupa	19
Colombia, Antioquia, La Ceja, Llanadas, Manantial	Muestreo de frutos-Gulupa	4
Colombia, Antioquia, NI, Alto de Guamito	Trampa McPhail	70
Colombia, Antioquia, Abejorral, Fontibón	Trampa McPhail	7
Colombia, Antioquia, Guarne, Alto de Mejía, La Morena	Muestreo de frutos-Gulupa	5
Colombia, Antioquia, Guarne, La Clara, Rubén Darío	Muestreo de frutos-Gulupa	5
Colombia, Antioquia, La Ceja, Llanadas, Manantial	Trampa McPhail	37
Colombia, Antioquia, Sonsón, Tasajo, Manantiales	Muestreo de frutos-Gulupa	16

Se identificaron 15 especies de los géneros *Dasiops* (6), *Neosilba* (2) y *Lonchaea* (7) y 4 morfoespecies más pertenecientes al género *Lonchaea*.

Del total de especies encontradas 3 (*D. inedulis*, *D. gracilis* y *N. batesi*) se obtuvieron de muestreo directo de frutos o botones florales. Del total de individuos revisados el 56% pertenecía a individuos hembra y el 44% a machos.

Tabla 1-2: Distribución de especies encontradas de acuerdo al método de colecta

ESPECIE	TIPO DE COLECTA
<i>Dasiops brevicornis</i> (Williston, 1896)	Trampa McPhail
<i>Dasiops caustonae</i> (Norrbon & McAlpine, 1997)	Trampa McPhail
<i>Dasiops curubae</i> (Steyskal, 1980)	Trampa McPhail
<i>Dasiops gracilis</i> (Norrbon & McAlpine, 1997)	Muestreo de frutos-Gulupa
<i>Dasiops gracilis</i> (Norrbon & McAlpine, 1997)	Trampa McPhail
<i>Dasiops inedulis</i> (Steyskal, 1980)	Trampa McPhail
<i>Dasiops inedulis</i> (Steyskal, 1980)	Muestreo de frutos-Granadilla
<i>Dasiops rugifrons</i> (Henning, 1948)	Trampa McPhail
<i>Lonchaea aculeata</i> (Bezzi, 1910)	Trampa McPhail
<i>Lonchaea chalybea</i> Wiedemann (1830)	Trampa McPhail
<i>Lonchaea cristula</i> (McAlpine, 1964)	Trampa McPhail
<i>Lonchaea curiosa</i> (McAlpine, 1964)	Trampa McPhail
<i>Lonchaea echinappina</i> (McAlpine, 1964)	Trampa McPhail
<i>Lonchaea longicornis</i> Williston, 1896	Trampa McPhail
<i>Lonchaea striatifrons</i> Malloch (1920)	Trampa McPhail
<i>Lonchaea</i> sp.	Trampa McPhail
<i>Lonchaea</i> sp. 1	Trampa McPhail
<i>Lonchaea</i> sp. 3	Trampa McPhail
<i>Lonchaea</i> sp. 3	Muestreo de frutos-Granadilla
<i>Lonchaea</i> sp. 4	Trampa McPhail
<i>Lonchaea</i> sp. 5	Trampa McPhail
<i>Neosilba batesi</i> (Curran, 1932)	Muestreo de frutos-Gulupa
<i>Neosilba batesi</i> (Curran, 1932)	Muestreo de frutos-Maracuyá
<i>Neosilba batesi</i> (Curran, 1932)	Trampa McPhail
<i>Neosilba distospinosa</i> (Galeano & Canal, 2012)	Trampa McPhail
<i>Neosilba</i> sp.	Trampa McPhail

En los frutos se encontró la especie *Dasiops inedulis* que según los reportes previos puede afectar botones florales de maracuyá, gulupa y granadilla. Esta especie ha sido reportada como polífaga intergenérica, es decir, que puede afectar gran cantidad de especies del género *Passiflora*.

También se encontró *Dasiops gracilis* en frutos de gulupa y *Neosilba batesi* en frutos de maracuyá, gulupa y granadilla (tabla 1-2), sin embargo, de acuerdo con los reportes esta especie está asociada a carposfagia secundaria.

Las otras 12 especies fueron encontradas únicamente en trampas McPhail a excepción de *Lonchaea* sp.3 que se halló en un muestreo de frutos (tabla 1-2).

Del total de especímenes estudiados el 35% y 36 % corresponden a *Lonchaea cristula*, y *Dasiops gracilis* respectivamente, siendo las especies más comunes en el presente estudio.

1.3.1 Especies colectadas en muestreo directo

A continuación, se presentan los datos de especies obtenidas a través de colecta de frutos con larvas o individuos inmaduros:

Dasiops inedulis Steyskal 1980.

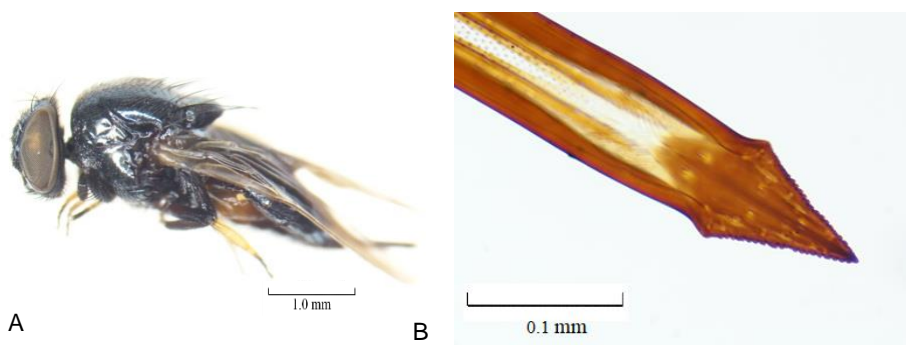


Figura 1-1. *D. inedulis*. ♀. A. Habitus en vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X; B. Genitalia de la hembra bajo microscopio con aumento de 200X.

De acuerdo con Norrbom & McAlpine, (1996) es una de las seis especies del género con genitalia aserrada y punta triangular (Ver figura 1-1B). Se diferencia de las demás por la longitud del aculeus entre 1.26-1.83 mm.

La especie se obtuvo de muestreos de botones florales de granadilla en Sonsón y también se colectó en trampas tipo McPhail en los municipios de Abejorral y Jericó (Tabla 1-2).

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó un total de 24 especímenes: 13 ♀; 11 ♂.

- Material examinado obtenido de material vegetal:

COLOMBIA. Antioquia. Sonsón. 5°49'02" N 75°18'03.9" W. 2248 msnm. En granadilla (*Passiflora ligularis* Juss). 06-Jun-2018. Mina, J.

- Material examinado coleccionado en trampas McPhail:

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'58" N 75°27'19" W. 2484 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 1-Ago-2018. Mina, J. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 09-Dic-2018. Muñoz, J.

Previamente se reportó en los departamentos de Cundinamarca, Meta, Huila, Tolima, Antioquia (Municipios de Yarumal y Dabeiba), Caldas, Quindío, Risaralda y Valle del Cauca por Castro, (2012).

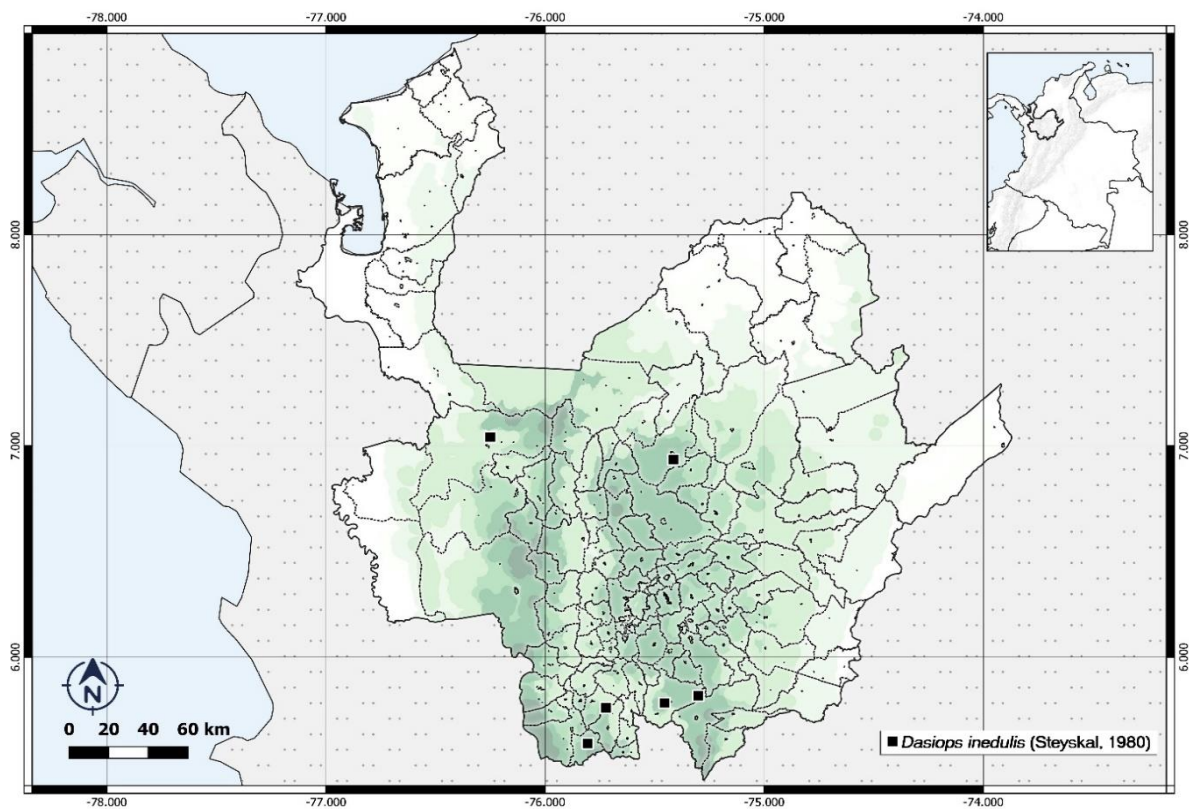


Figura 1-2. Distribución de *Dasiops inedulis* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Dasiops gracilis Norrbom y McAlpine, 1996.

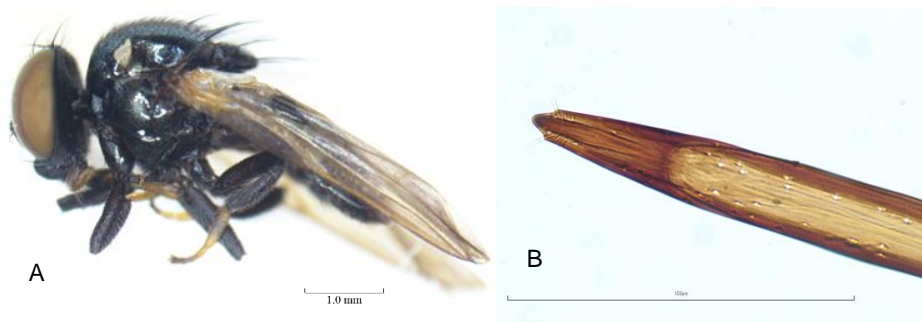


Figura 1-3: *D. gracilis*. ♀. A. Habitus en vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X; B. Genitalia de la hembra bajo microscopio con aumento de 200X.

Especie con alas fumosas anteroapilmente, aculeus con muesca apical (Ver figura 1-3B) y longitud entre 1.79-2.29 mm (Norrbom & McAlpine, 1996).

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Los especímenes se obtuvieron en un 94% a partir de muestreos en frutos de gulupa. Se revisó 512 individuos: 249 ♀; 263 ♂. Los individuos procedían de los municipios de Guarne, Jericó, La Ceja, Marinilla, Rionegro y Sonsón (Figura 1-2), lo cual está relacionado con los hallazgos previos en los trabajos de Castro (2012); Santamaría 2014 y Wyckhuys *et al.* (2012). También se colectaron 32 individuos: 8 ♀; 24 ♂, por muestreo indirecto a través de trampas McPhail cebadas con proteína hidrolizada de maíz en los municipios de Abejorral, El Carmen de Viboral, La Ceja y Jericó.

- Material examinado obtenido de material vegetal:

COLOMBIA. Antioquia. Guarne. 6°10'07" N 75°15'07.9" W. 2569 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-oct-2018 a 08-nov-2018. Mina, J. 6°10'30" N 75°15'23.9" W. 2443 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 04-jul-2018 a 10-dic-2018. Mina, J. 6°10'52" N 75°14'30.7" W. 2350 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 18-dic-2018. Mina, J. 6°10'30" N 75°14'23" W. 2468 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 04-jul-2018. Mina, J. Jericó. 5°45'47" N 75°44'08" W. 1948 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 26-ago-2018 a 02-sep-2018. Muñoz, J. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 26-ago-2018. Muñoz, J. La Ceja. 6°00'54" N 75°26'05.9" W. 2188 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 03-jul-2018. Mina, J. 5°57'18" N 75°24'51.8" W. 2569 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 25-ago-2018. Mina, J. Marinilla. 6°13'29.78" N 75°16'17.76" W. 2041 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 23-jun-2018. Mina, J. Rionegro. 5°32'12.84" N 75°51'27.7" W. 2191 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 18-dic-2018. Mina, J. Sonsón. 6°12'50" N 75°25'02.9" W. 2181 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 24-jul-2018. Mina, J. 5°42'04.8" N 75°19'46" W. 2191 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 18-jul-2018. Mina, J. 5°42'01" N 75°19'43" W. 2201 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 16-jul-2018. Mina, J. 5°47'40" N 75°18'23" W. 2273 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 04-jun-2018 a 10-sep-2018. Mina, J. 5°45'42" N 75°17'13" W. 2430 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 17-jul-2018. Mina, J. 6°10'07" N 75°15'07.9" W. 2153 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 20-nov-2018. Mina, J. 5°27'57" N 75°11'03.5" W. 2279 msnm. En gulupa (*Passiflora*

edulis f. *edulis* Sims). 25-jun-2018. Mina, J. 5°27'57" N 75°11'03.5" W. 2201 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 29-jul-2018. Mina, J.

- Material examinado coleccionado en trampas McPhail:

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'58" N 75°27'19.5" W. 2484 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 15-ago-2018. Patiño, O. El Carmen de Viboral. 6°04'19" N 75°19'15" W. 2192 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 04-ago-2018. Valencia, W. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 01-sep-2018 a 24-sep-2018. Vélez, L. La Ceja. 5°57'18" N 75°24'51.8" W. 2387 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. López, J. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. López, J.

Para Colombia esta especie había sido previamente reportada por Castro, (2012) en los departamentos de Cundinamarca, Huila, Tolima y Antioquia (Municipio de Jardín).

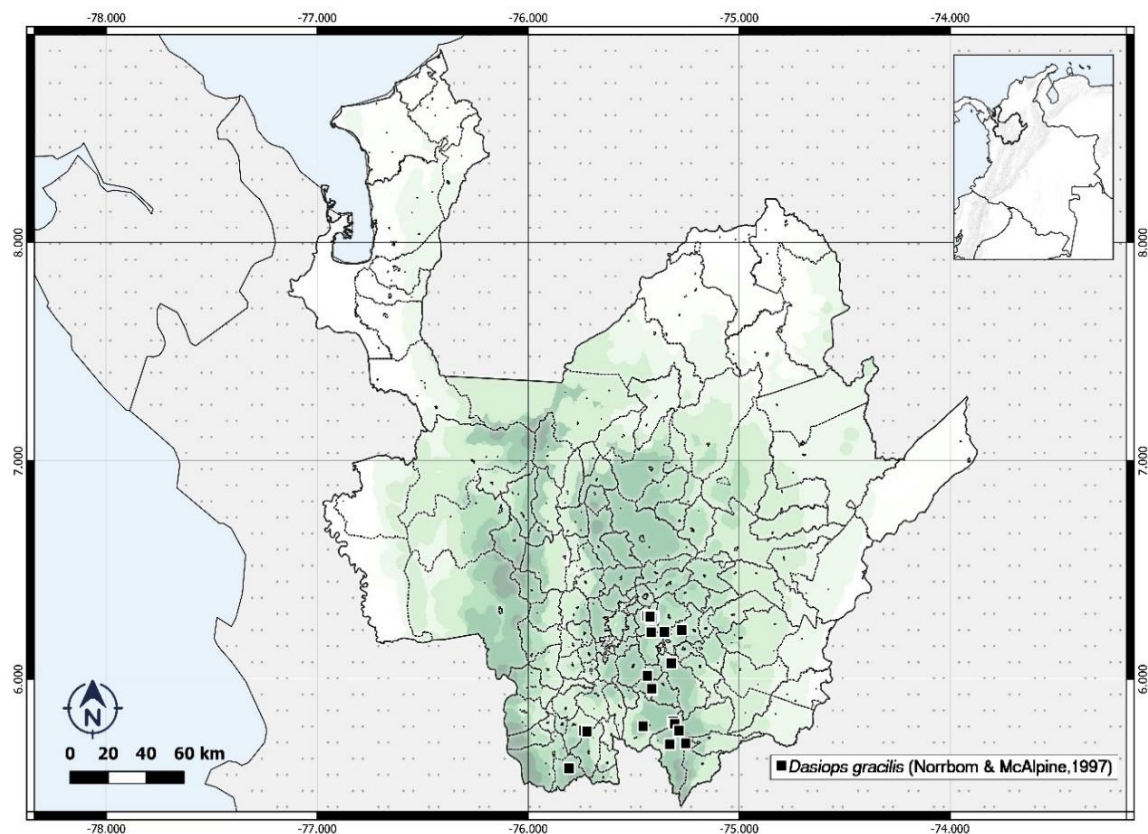


Figura 1-4: Distribución de *Dasiops gracilis* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Neosilba batesi (Curran, 1932)

Figura 1-5. *N. batesi*. Genitalia ♂. A. Vista ventral de la genitalia bajo microscopio con aumento de 100X; B. Vista lateral mostrando la forma en C de la base del aedeagus bajo microscopio con aumento de 100X; C. Base del epandrium, detalle de los parámetros con aumento de 200X; D. Detalle de las preensetas bajo microscopio con aumento de 200X.

Según el trabajo de Galeano & Canal realizado en el 2012 esta especie se diferencia por la terminalia del macho sin forma hemisférica, aedeagus con uno o un par de procesos que surgen del lado convexo de la base engrosada en forma de C (Ver figura 1-5B). Aedeagus con un par de procesos similares a dientes. Epandrio 2 veces más largo que

ancho. Ápice del abdomen masculino sin espinas gruesas; parámero con dos sub lóbulos igualmente largos (Ver figura 1-5D).

Esta especie ha sido reportada como polífaga, posiblemente como carpófaga secundaria, ya que afecta frutos que han sido colonizados por otros insectos. Entre los frutos donde se ha encontrado criándose están, la naranja dulce (*Citrus sinensis*), el aguacate (*Persea americana*), la papaya (*Carica papaya*), el chontaduro (*Bactris gasipaes*), el Guamo (*Inga* spp.) McAlpine & Steyskal, (1982); el mango (*Mangifera indica*), la chirimoya (*Annona cherimola*) el anón amazónico (*Rollinia mucosa*) Saavedra-Díaz *et al.* (2017) y bellotas en descomposición de algodón (*Gossypium hirsutum*), además de otros reportes que no tienen soporte etológico. En pasifloras se asocia a esta especie con la hipótesis de que se alimentan de los nectarios de las flores. En el presente estudio se encontró en frutos y botones florales en descomposición. En frutos de gulupa se encontró asociada a la especie *Dasiops gracilis*, aunque también se hallaron especímenes solos, pero en frutos con alto grado de descomposición.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó en total 187 especímenes (111 ♀; 76 ♂). Se registra por segunda vez esta especie para el departamento de Antioquia.

- Material examinado obtenido de material vegetal:

COLOMBIA. Antioquia. Ciudad Bolívar. 5°50'09.9" N 75°55'18.9" W. 822 msnm. En Maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener 1932). 26-mar-2018 a 27-mar-2018. Muñoz, J. Ebéjico. 6°11'57" N 75°27'17" W. 1387 msnm. En maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener 1932). 20-ago-2018. Muñoz, J. Fredonia. 5°54'05.7" N 75°43'19.9" W. 937 msnm. En maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener 1932). 06-ago-2018. Muñoz, J. Girardota. 6°22'08" N 75°43'19.9" W. 1585 msnm. En granadilla (*Passiflora ligularis* Juss). 21-jul-2018. Muñoz, J. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 02-sep-2018. Muñoz, J. La Ceja. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. Mina, J.

Material examinado coleccionado en trampas McPhail:

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'45" N 75°25'44" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. Mina, J. Guarne. 6°10'30" N 75°14'23" W. 2468 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 28-sep-2018. Mina, J. La Ceja. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. Mina, J. Sonsón. 5°42'05.7" N 75°19'32" W. 2285 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-ago-2018. Mina, J.

Para Colombia esta especie había sido previamente reportada por McAlpine & Steyskal, (1982) en Palmira (Valle del Cauca), Bello (Antioquia), Cúcuta (Norte de Santander) y Sasaima (Cundinamarca); sin embargo, no se conocen las coordenadas donde se realizaron las colectas.

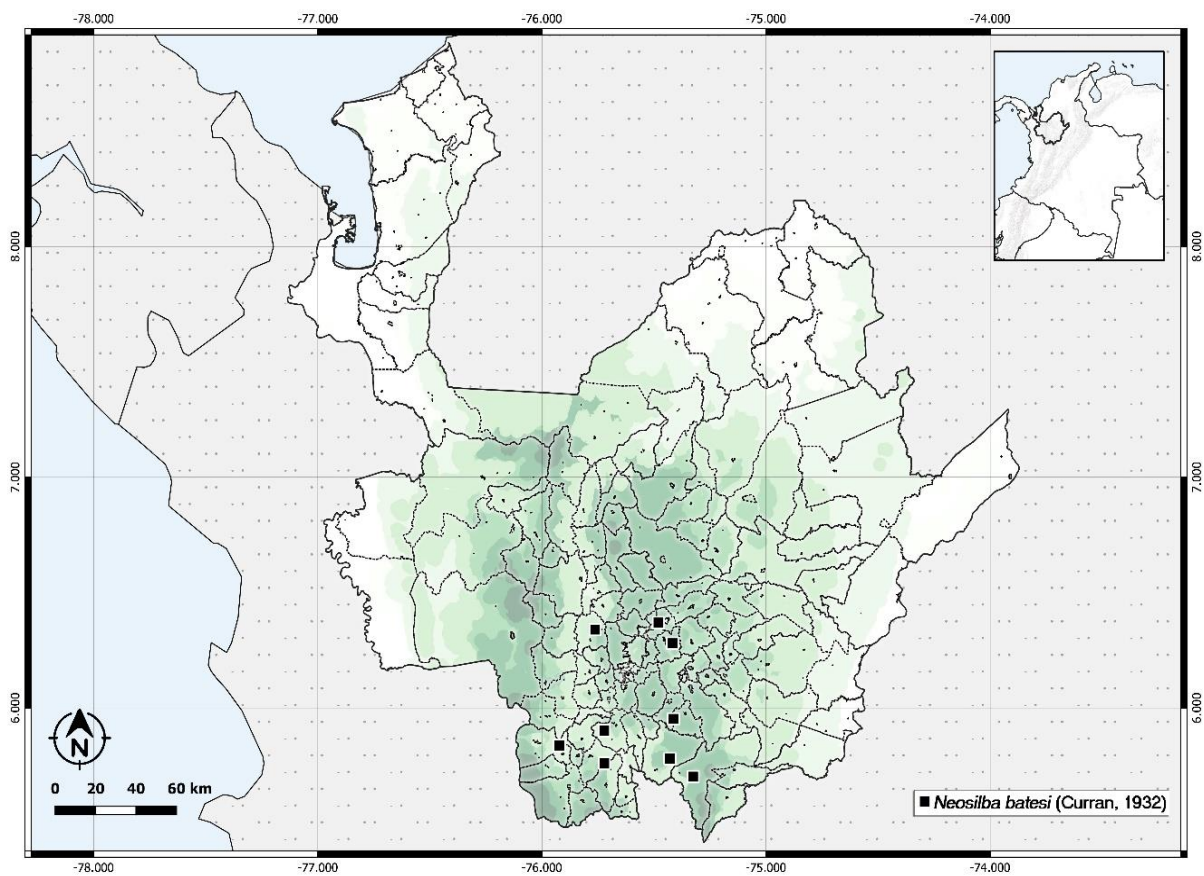


Figura 1-6: Distribución de *Neosilba batesi* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

1.3.2 Especies de Lonchaeidae, colectadas únicamente en trampa McPhail

Dasiops brevicornis (Williston, 1896).

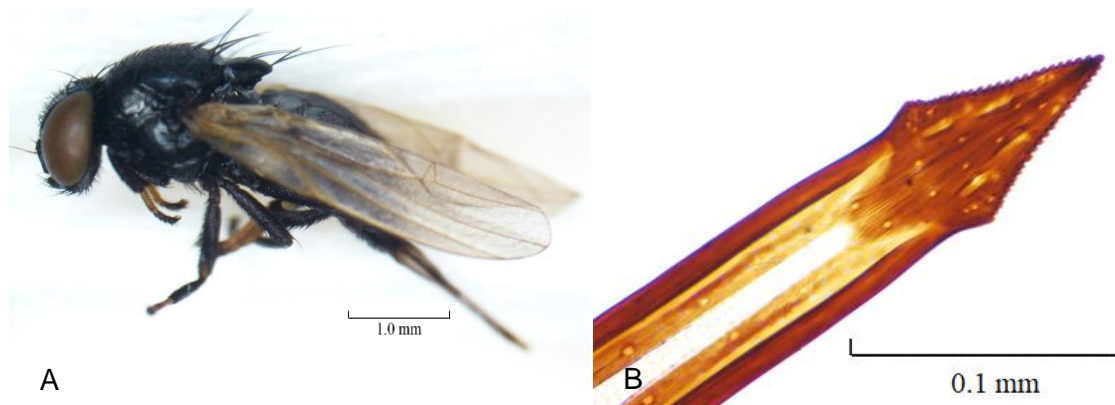


Figura 1-7: *D. brevicornis*. ♀ Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X; B. Genitalia de la hembra bajo microscopio con aumento de 200X.

Esta especie es similar a *D. inedulis*, con variación en la longitud del aculeus que va de 2.00-2.03 mm, mientras la otra especie presenta una longitud entre 1.26-1.83 mm Norrbom & McAlpine, (1996).

No existe una planta hospedante reconocida para esta especie.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó cuatro especímenes (3 ♀; 1 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'45" N 75°25'44.4" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-mar-2018. Ortiz, M. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 12-sep-2018. Vélez, L.

Castro en el año 2012, la registró por primera vez para Colombia en los departamentos de Risaralda, Quindío, Huila y Antioquia (Yarumal, La Unión y Jardín).

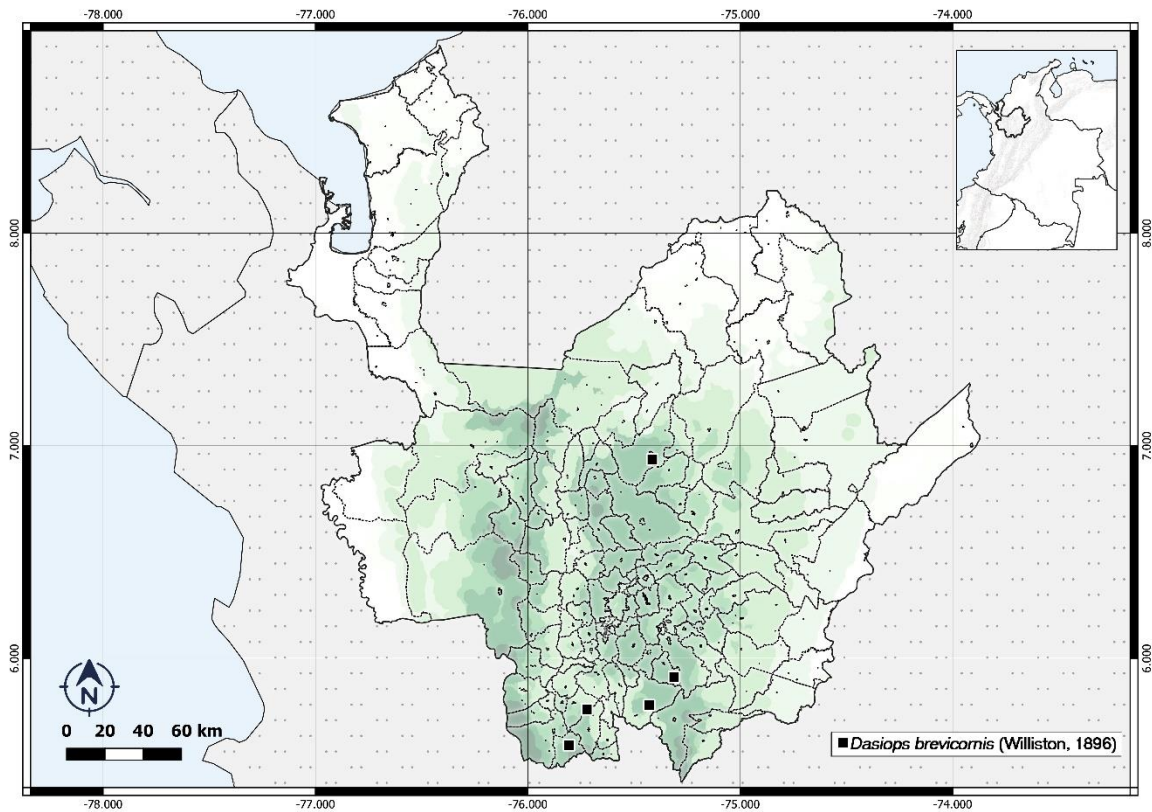


Figura 1-8: Distribución de *Dasiops brevicornis* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Dasiops caustonae Norrbom y McAlpine, 1996.

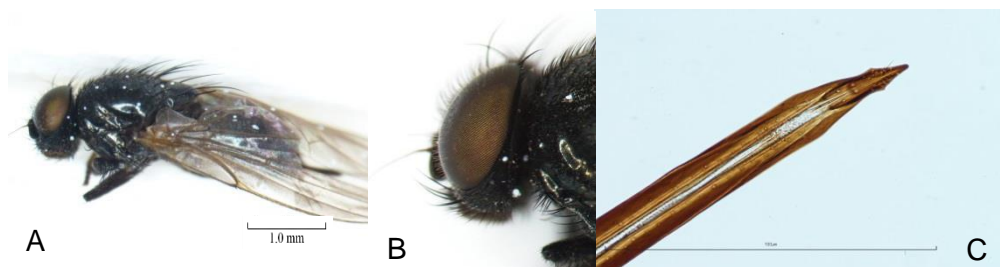


Figura 1-9: *D. caustonae*. ♀. A. Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X; B. Ojos micropubescentes bajo estereomicroscopio con aumento de 40X; C. Genitalia de la hembra bajo microscopio con aumento de 200X.

Especie con la punta del aculeus sin dientes, con proyecciones laterales, pero sin hendidura apical. Longitud del aculeus 1.18-1.36 mm Norrbom & McAlpine, (1996).

De acuerdo con los reportes previos, esta especie se asocia a daños en frutos de curuba, sin embargo, no se logró obtener individuos en muestreo de frutos.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó tres especímenes (3 ♀).

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'45" N 75°25'44" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 06-jul-2018. González, G. La Ceja. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. López, J.

Previamente reportada en los departamentos de Boyacá y Cundinamarca por Castro, (2012). Es el primer reporte de la especie para el departamento de Antioquia.

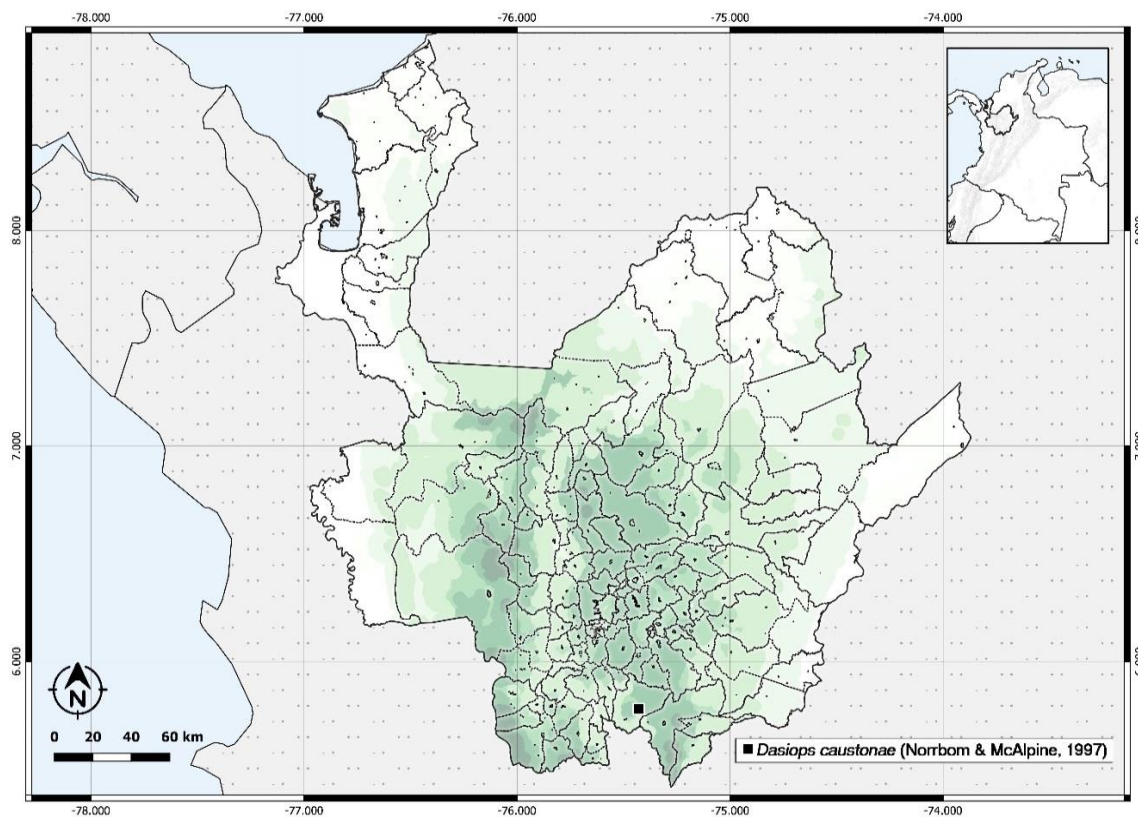


Figura 1-10: Distribución de *Dasiops caustonae* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Dasiops curubae Steyskal 1980.

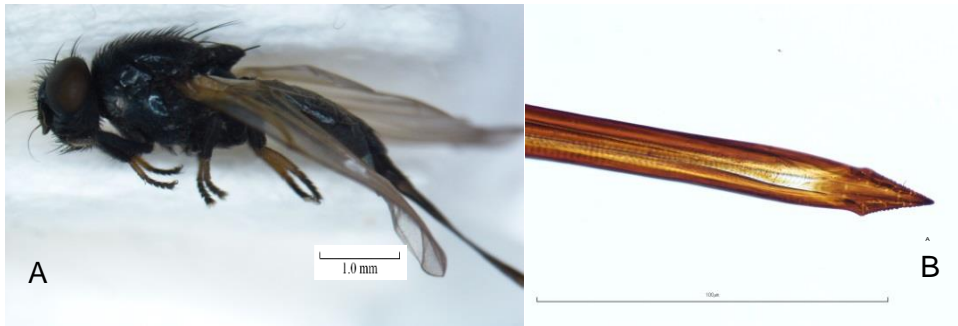


Figura 1-11: *D. curubae*. ♀. A. Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X; B. Genitalia de la hembra bajo microscopio con aumento de 200X.

Especie de cuerpo alargado, ojos micropubescentes y aculeus con forma triangular, dentado y longitud entre 2.52-2.68 mm Norrbom & McAlpine, (1996).

La planta hospedante de esta especie es desconocida.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó un espécimen (1 ♀).

COLOMBIA. Antioquia. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 01-sep-2018. Vélez, L.

Previamente ésta especie ha sido reportada en los departamentos de Boyacá y Cundinamarca. Se registra por primera vez para el departamento de Antioquia.

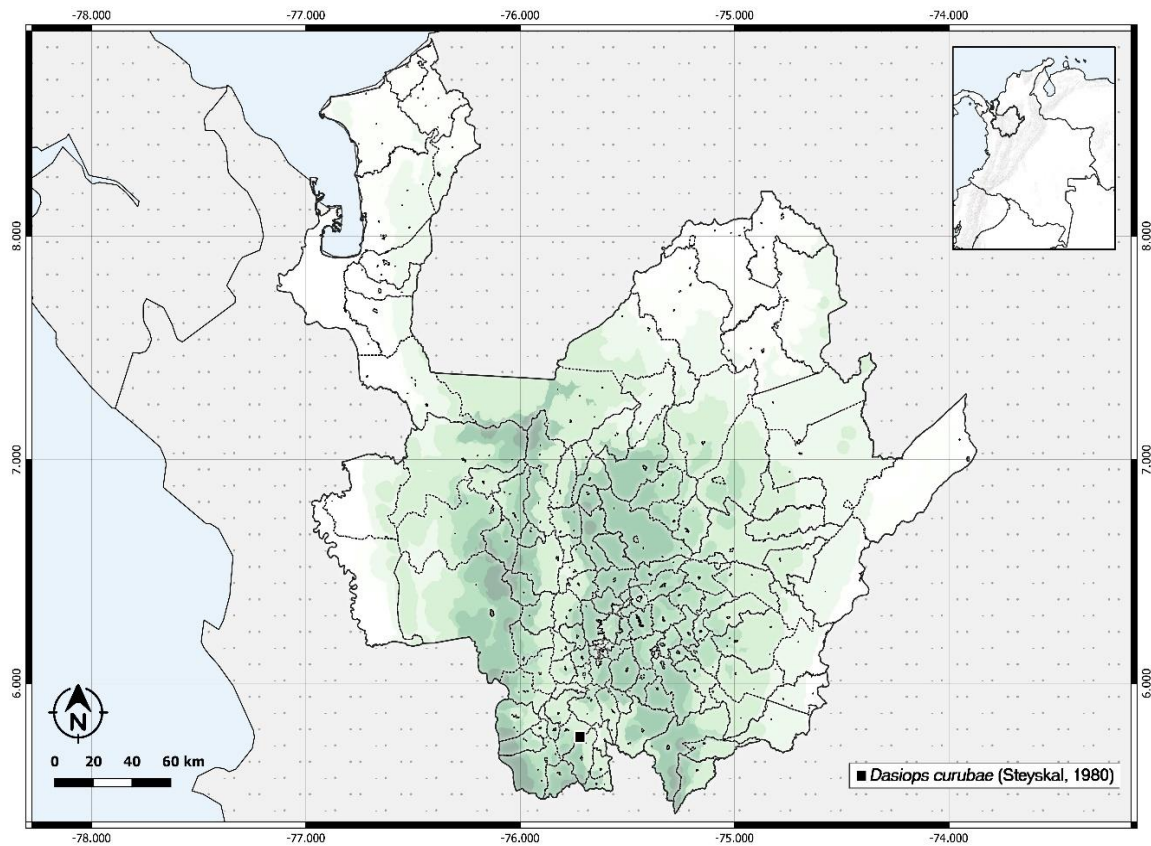


Figura 1-12. Distribución de *Dasiops curubae* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Dasiops rugifrons Hennig 1948.

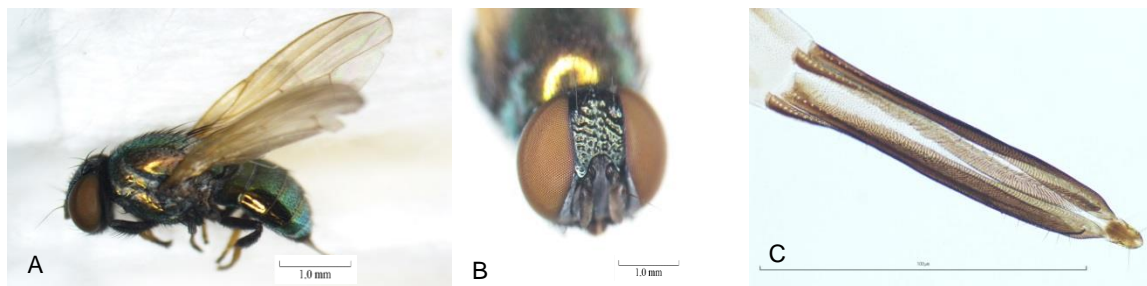


Figura 1-13: *D. rugifrons*. ♀. A. Habitus vista lateral, detalle del cuerpo fuertemente metalizado bajo estereomicroscopio con aumento de 20X; B. Frente fuertemente rugosa y lúnula setulosa bajo estereomicroscopio con aumento de 40X; C. Genitalia de la hembra bajo microscopio con aumento de 100X.

Ésta especie se reconoce de las demás del género por el color del cuerpo azul-verde metalizado (Figura 1-13A), franja marrón en los calypteres, frente fuertemente rugosa (Figura 1-13B) y lúnula setulosa Norrbom & McAlpine, (1996).

Por la forma de su genitalia totalmente membranosa se sospecha que esta especie es de hábito alimenticio carpófaga secundaria, sin embargo, no se conoce con precisión la especie hospedera ni aspectos relacionados con su biología.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó siete especímenes (5 ♀; 2 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'45" N 75°25'44" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. González, G. San Vicente. 6°16'17.8" N 75°18'54" W. 2214 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 13-jul-2018 a 27-jul-2018. Vanegas, L.

Registrada para Colombia por Castro, (2012), en los departamentos de Tolima, Huila, Cundinamarca, Quindío, Caldas y Antioquia (Dabeiba y Yarumal).

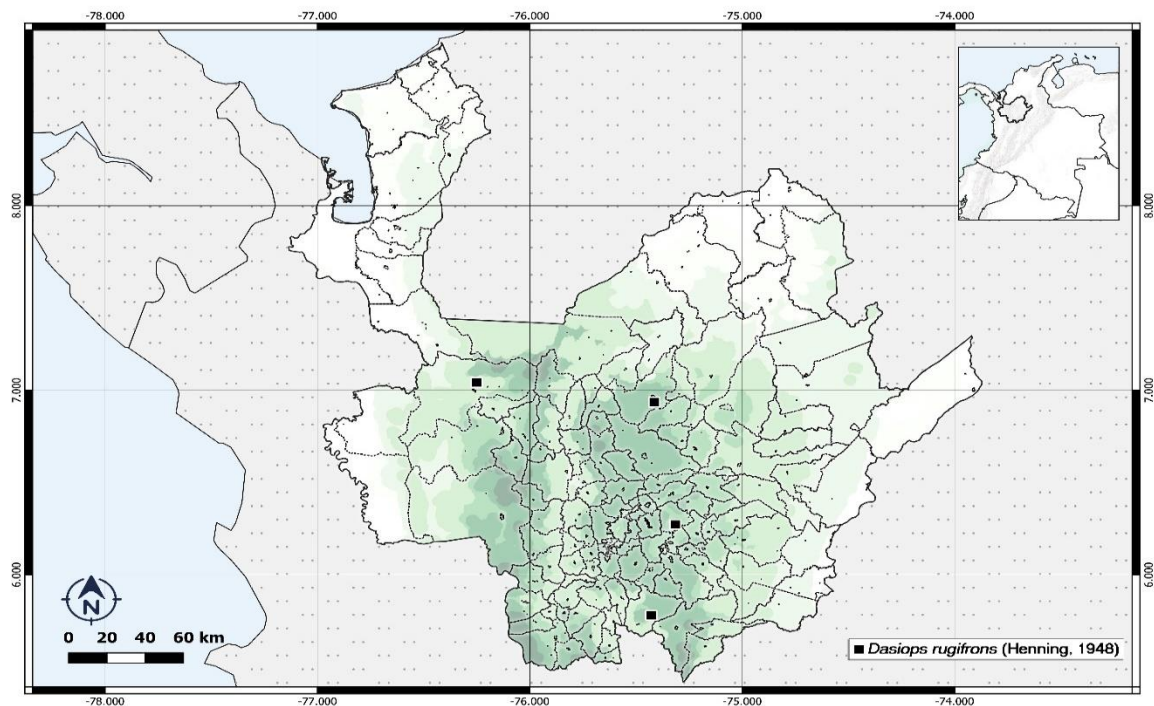


Figura 1-14: Distribución de *Dasiops rugifrons* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Neosilba distospinosa (Galeano & Canal, 2012).

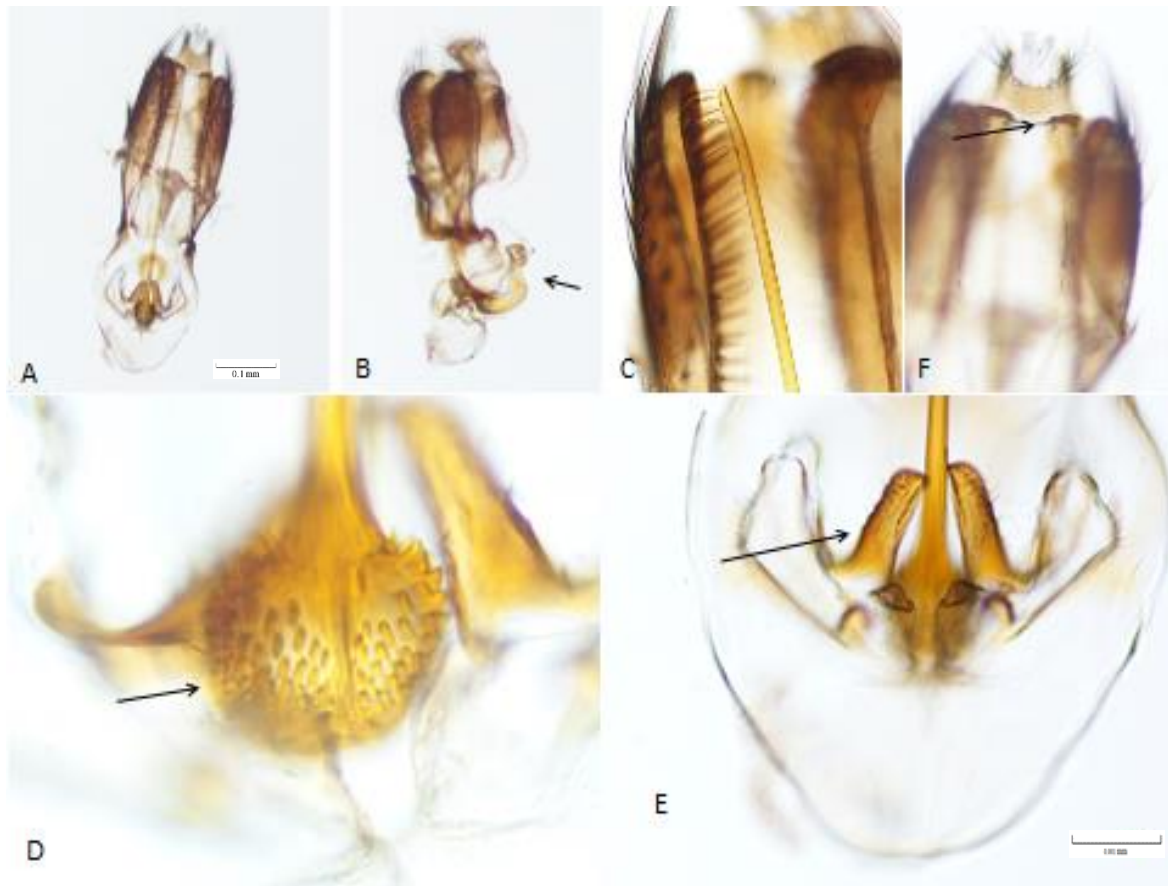


Figura 1-15: *N. distospinosa*. Genitalia ♂. A. Vista ventral bajo microscopio con aumento de 100X; B. Vista lateral; C. Ápice del filamento del aedeagus bajo microscopio con aumento de 200X. D. Base del filamento del aedeagus (vista lateral) bajo microscopio con aumento de 200X; E. Parámeros y gonopodita (vista ventral del epandrium) bajo microscopio con aumento de 200X; F. Ápice del epandrium (vista ventral) detalles de las prensisetas.

De acuerdo con Galeano & Canal, (2012), la especie se diferencia porque el filamento del aedeagus se encuentra espiculado en el ápice, como observa en la figura (1-15D).

Todos los especímenes revisados fueron colectados en trampa McPhail. Se registra por primera vez esta especie para el departamento de Antioquia.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Datos del tipo: Holotipo ♂. **COLOMBIA, Tolima,**

Cajamarca. 04°26'267" N, 75°29'261" O, 2444 m, 03.I.2006, M.R. Castañeda & A. Osorio.
En Guamo (*Inga edulis* Mart).

Para Colombia esta especie solo había sido reportada a través del holotipo correspondiente a la especie. Este sería el segundo reporte para el país.

Material examinado. Se revisó en total 127 especímenes (82 ♀; 45 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'58" N 75°27'19" W. 2484 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 01-ago-2018 a 15-ago-2018. Patiño, O. El Carmen de Viboral. 6°04'19" N 75°19'15" W. 2192 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 07-jul-2018. Valencia, W. El Peñol. 6°10'38" N 75°13'21.8" W. 2077 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 15-oct-2018. Giraldo, A. 6°13'00.4" N 75°14'53" W. 2059 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-jul-2018. Marín, E. 6°13'58" N 75°20'26" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 19-oct-2018. Sánchez, Y. La Ceja. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 15-sep-2018 a 30-sep-2018. López, J. San Vicente. 6°16'17.8" N 75°18'54" W. 2214 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 27-jul-2018. Vanegas, L. Sonsón. 5°42'05.7" N 75°19'32" W. 2285 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-ago-2018.

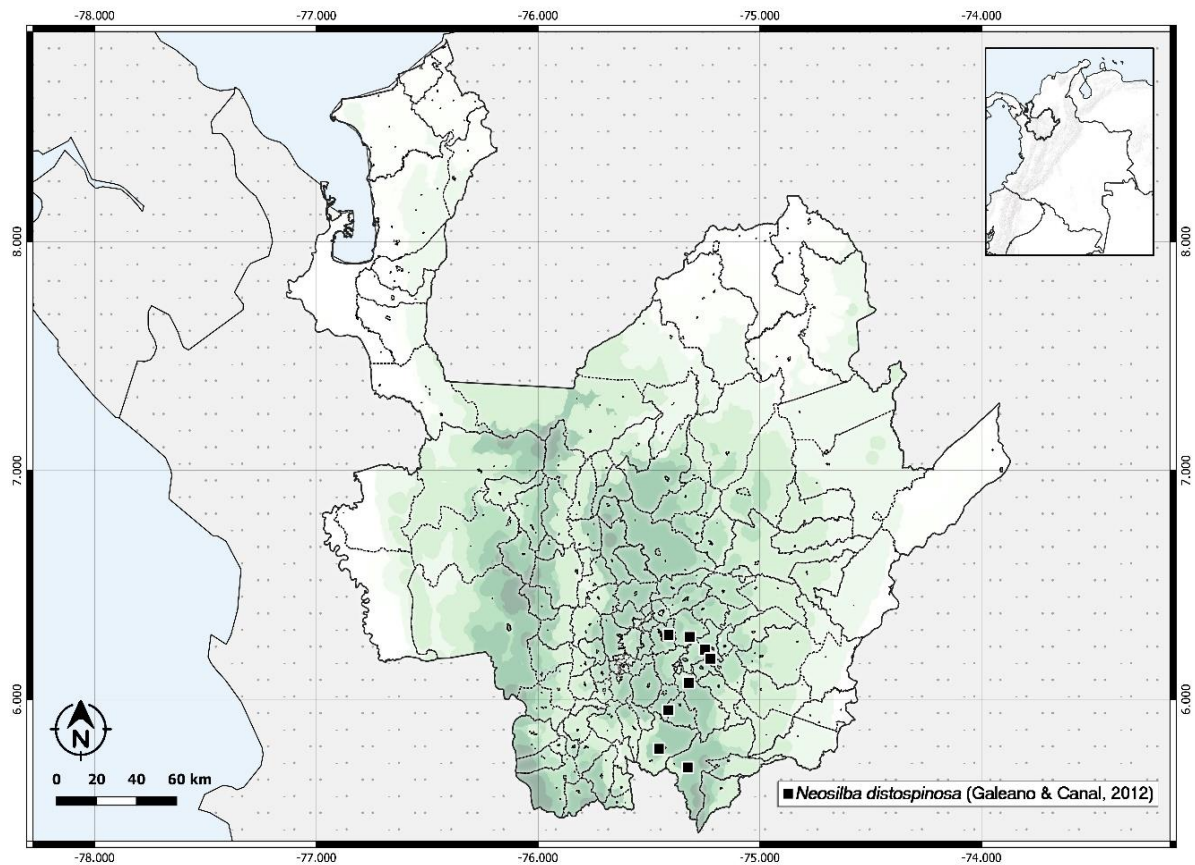


Figura 1-16: Distribución de *Neosilba distospinosa* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Lonchaea aculeata (Bezii, 1910)

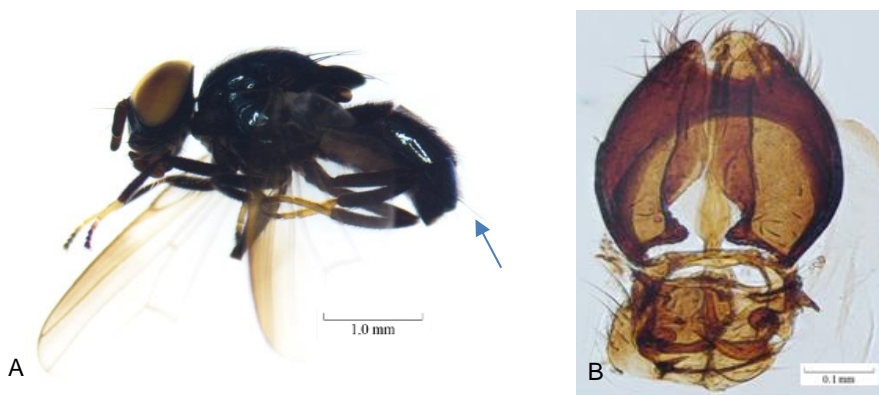


Figura 1-17: *Lonchaea aculeata*. ♂. A. Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X. B. Genitalia del macho bajo microscopio con aumento de 100X.

De acuerdo con Korytkowski & Ojeda, (1971) esta especie se diferencia de las demás por poseer arista con pilosidad relativamente larga (% el ancho del segmento sub-basal); alas definitivamente infuscadas; machos con una seta muy gruesa y típica, en el extremo marginal posterior-del 5' urotergito (Figura 1-17A); tarsos posteriores normales, sin espuelas. Sin embargo, en el presente estudio se encontró que la infuscación de las alas puede variar en el grado y que la seta es un grupo de setas que puede variar en número entre 1 y 4.

Especie de hábito alimenticio desconocido.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó 17 especímenes (6 ♀; 11 ♂). Se registra por primera vez esta especie para el departamento de Antioquia.

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'45" N 75°25'44" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-ago-2018. González, G. El Carmen de Viboral. 6°04'19" N 75°19'15" W. 2192 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-sep-2018. Valencia, W. El Peñol. 6°10'38" N 75°13'21.8" W. 2077 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 15-oct-2018. Quinchía, D. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 01-sep-2018 a 17-dic-2018. Vélez, L. La Ceja. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-jul-2018. López, J. San Vicente. 6°16'17.8" N 75°18'54" W. 2214 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 13-jul-2018. Vanegas, L.

Para Colombia esta especie había sido previamente reportada por Luna (1987), en las localidades de Popayán (Cauca) y Palmira (Valle del Cauca).

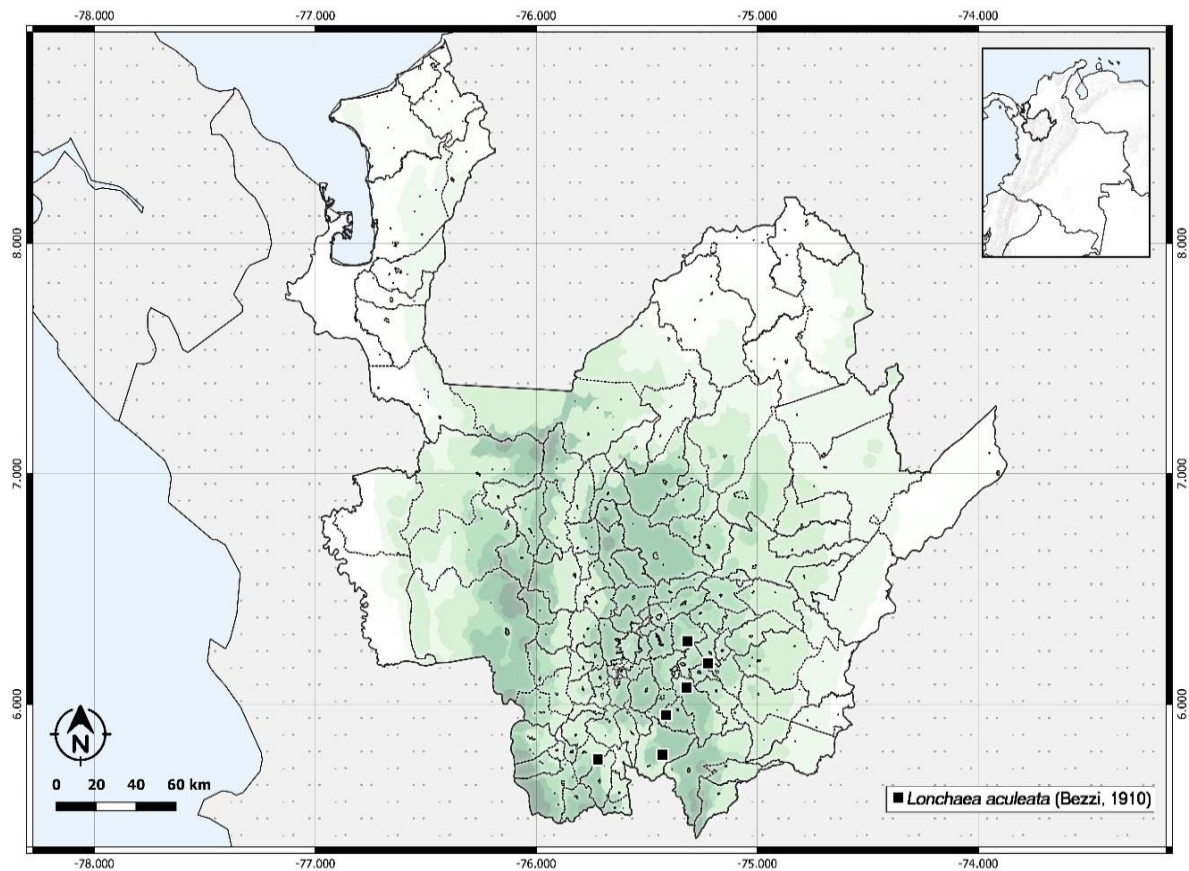


Figura 1-18: Distribución de *Lonchaea aculeata* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Lonchaea chalybea Wiedemann (1830)



Figura 1-19: *Lonchaea chalybea*. ♂. A. Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X. B. Genitalia del macho bajo microscopio con aumento de 100X.

Especie negra sin brillo metálico; Tarsos marrón o marrón claro sin contrastar con el resto de la pata (Ver figura 1-19) antena completamente negra o marrón-negruzco (Korytkowski & Ojeda, 1971). En el presente trabajo agregamos que posee aedeagus corto, menos de un 1/8 (un octavo) de la longitud de la genitalia.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado Se revisó en total 5 especímenes (2 ♀; 3 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. Guarne. 6°10'30" N 75°14'23.6" W. 2468 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 04-sep-2018 a 28-sep-2018. Flórez, W.

Previamente reportada en México y Perú. Éste es el primer registro para Colombia. Se le asocia con daños en plantas de Yuca (*Manihot esculenta*).

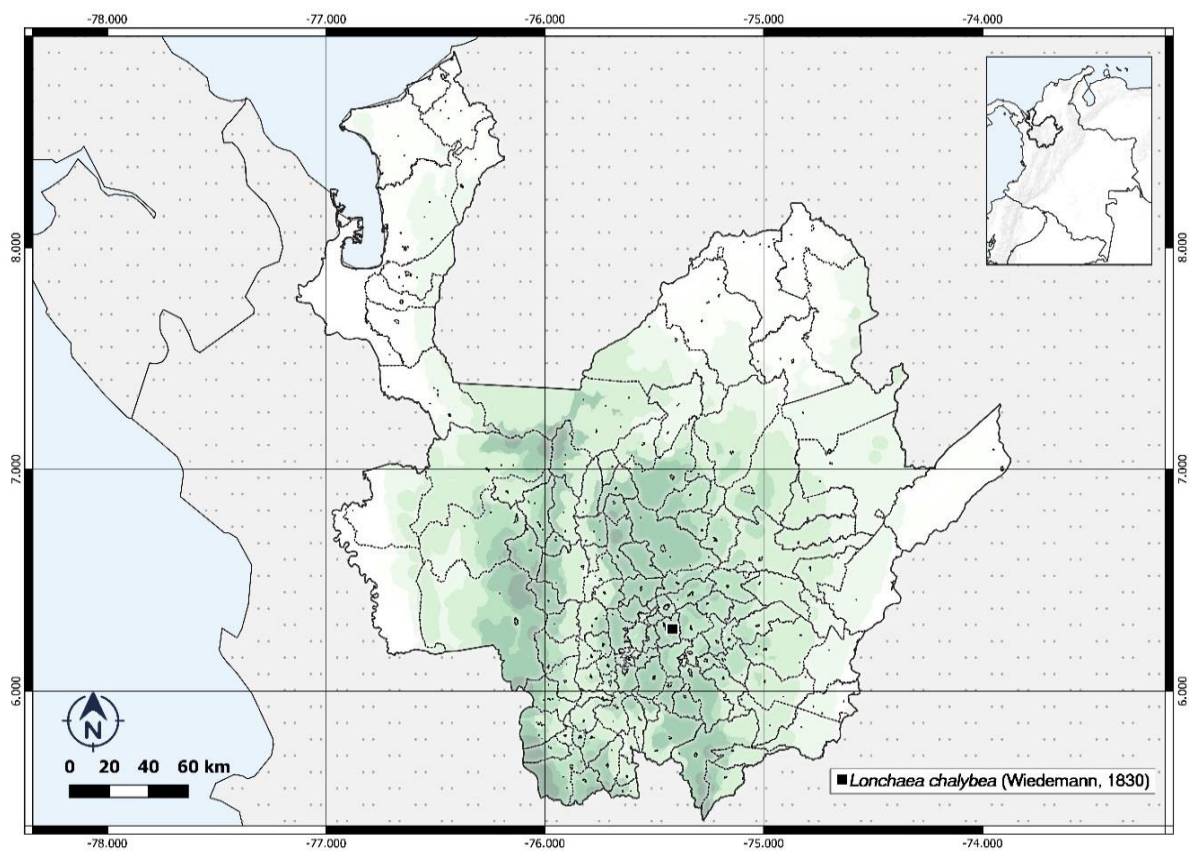


Figura 1-20: Distribución de *Lonchaea chalybea* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Lonchaea cristula (McAlpine, 1964)

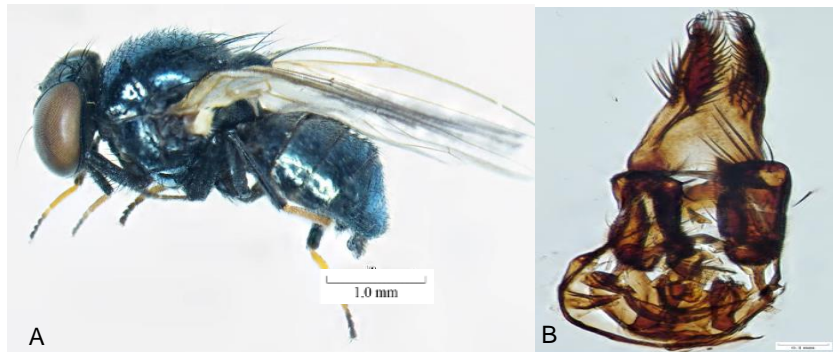


Figura 1-21: *Lonchaea cristula*. ♂. A. Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X. B. Genitalia del macho bajo microscopio con aumento de 100X.

Especie con antenas cortas (a lo más 2.6 veces tan larga como ancha); arista con pubescencia muy corta (setas a lo más 1/5 el diámetro del segmento sub-basal); especie con tamaño mayor a 4.5 mm de longitud; con brillo azul-claro y alas completamente hialinas Korytkowski & Ojeda, (1971). En el presente trabajo agregamos que posee genitalia con un penacho de setas laterales en el Epandrium (Ver figura 1-21B).

Esta especie se ha asociado con daños en el botón floral de pasifloras, sin embargo, no existen estudios completos que corroboren dicha hipótesis. No se encontró ningún individuo en los muestreos directos realizados en frutos de pasifloras.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó 537 especímenes (369 ♀; 169 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'58" N 75°27'19" W. 2484 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 15-ago-2018. Patiño, O. 5°46'45" N 75°25'44" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-mar-2018. González, G. El Carmen de Viboral. 6°04'19" N 75°19'15" W. 2214 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 17-ago-2018. Valencia, W. El Peñol. 6°10'38" N 75°13'21.8" W. 2077 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-jul-2018. Giraldo, A. 6°13'00.4" N 75°14'53" W. 2059 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 15-oct-2018. Marin, E. 6°13'58" N 75°20'26" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis*

Sims). 19-oct-2018. Sánchez, Y. Guarne. 6°10'30" N 75°14'23.6" W. 2468 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 04-sep-2018 a 28-sep-2018. Flórez, W. Jericó. 5°45'47" N 75°44'08" W. 1948 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 01-sep-2018 a 15-ene-2018. Correa, J. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 08-oct-2018 a 31-dic-2018. Vélez, L. La Ceja. 5°57'18.4" N 75°24'51.9" W. 2387 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 15-ago-2018 30-sep-2018. López, J. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-sep-2018. López, J. San Vicente. 6°16'17.8" N 75°18'54" W. 2214 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 13-jul-2018. Vanegas, L. Sonsón. 5°42'05.7" N 75°19'32" W. 2285 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-ago-2018. Mina, J.

Para Colombia esta especie había sido previamente reportada por Luna (1987), en las localidades de Popayán (Cauca) y Palmira (Valle del Cauca).

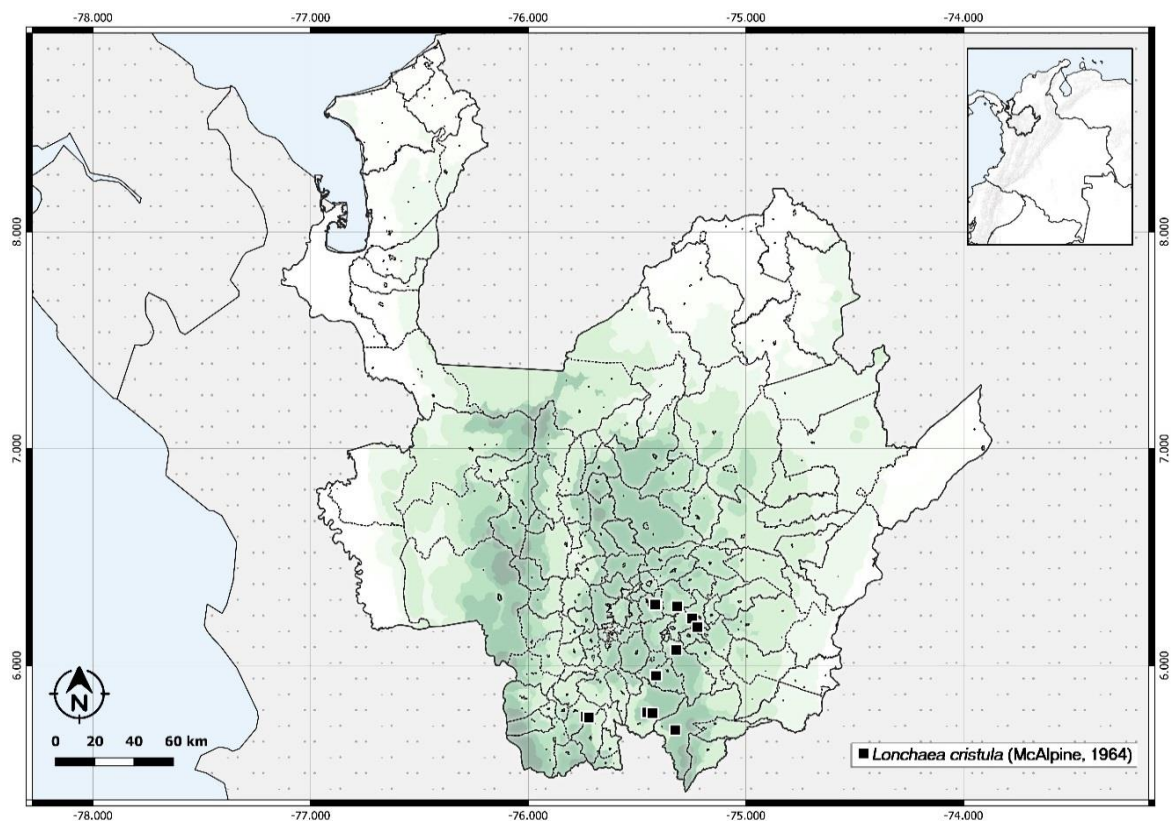


Figura 1-22: Distribución de *Lonchaea cristula* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Lonchaea curiosa (McAlpine, 1964)



Figura 1-23: *Lonchaea curiosa*. ♂. A. Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X. B. Genitalia del macho bajo microscopio con aumento de 100X.

De acuerdo con Luna, (1988) esta especie se diferencia de las demás por poseer un epandrium formado por tres lóbulos, el anterior en forma de una espina gruesa articulada, el mediano cuadrangular con el margen tetradentado y el posterior oblongo (Ver figura 1-23B).

Especie de hábito alimenticio desconocido.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado Se revisó 33 especímenes (18 ♀; 15 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. El Peñol. 6°13'00.4" N 75°14'53" W. 2059 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-jul-2018. Marín, E. Jericó. 5°45'47" N 75°44'08" W. 1948 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 05-sep-2018. Correa, J. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 01-sep-2018. Vélez, L. La Ceja. 5°57'18.4" N 75°24'51.9" W. 2387 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-jul-2018 a 30-ago-2018. López, J. 5°57'07" N 75°24'47.9" W. 2348 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 30-jul-2018 a 30-sep-2018. López, J. San Vicente. 6°16'17.8" N 75°18'54" W. 2214 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 13-jul-2018. Vanegas, L.

Para Colombia esta especie había sido reportada por primera vez por Korytkowski & Ojeda (1971) en Palmira, Valle del Cauca y posteriormente por Luna (1987) en Funza (Cundinamarca). Se registra por primera vez esta especie para el departamento de Antioquia.

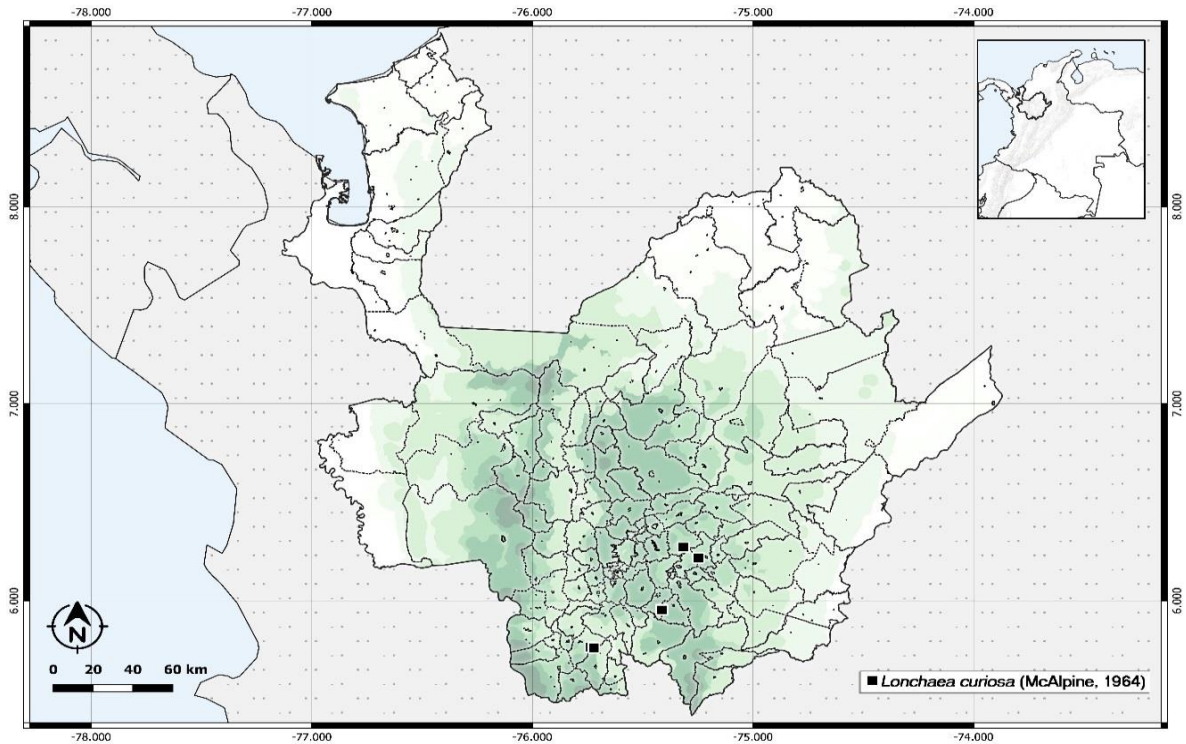


Figura 1-24: Distribución de *Lonchaea curiosa* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Lonchaea echinappina (McAlpine, 1964)



Figura 1-25: *Lonchaea echinappina*. ♂. A. Habitus vista lateral bajo estéromicroscopio con aumento de 20X. B. Genitalia del macho bajo microscopio con aumento de 100X.

Especie con aedeagus bisegmentado; de longitud mediana, aproximadamente $\frac{1}{2}$ el largo de la genitalia, llegando hasta un poco antes del margen posterior del epandrium; margen lateral del segmento basal con un grupo de 10 a 12 espinas (Ver figura 1-25B); segmento apical cilíndrico y uniforme Luna, (1988). Los especímenes analizados presentan gran variación en cuanto a los caracteres diagnósticos principalmente en el aedeagus.

Especie de hábitos alimenticios desconocidos.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó 3 especímenes (3 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. Abejorral. 5°46'45" N 75°25'44" W. 2202 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 01-sep-2018. González, G. El Carmen de Viboral. 6°04'19" N 75°19'15" W. 2192 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 23-sep-2018. Valencia, W. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-mar-2018. Vélez, L.

Para Colombia esta especie había sido reportada por primera vez por Korytkowski & Ojeda (1971) en Palmira, Valle del Cauca. Se registra por primera vez esta especie para el departamento de Antioquia.

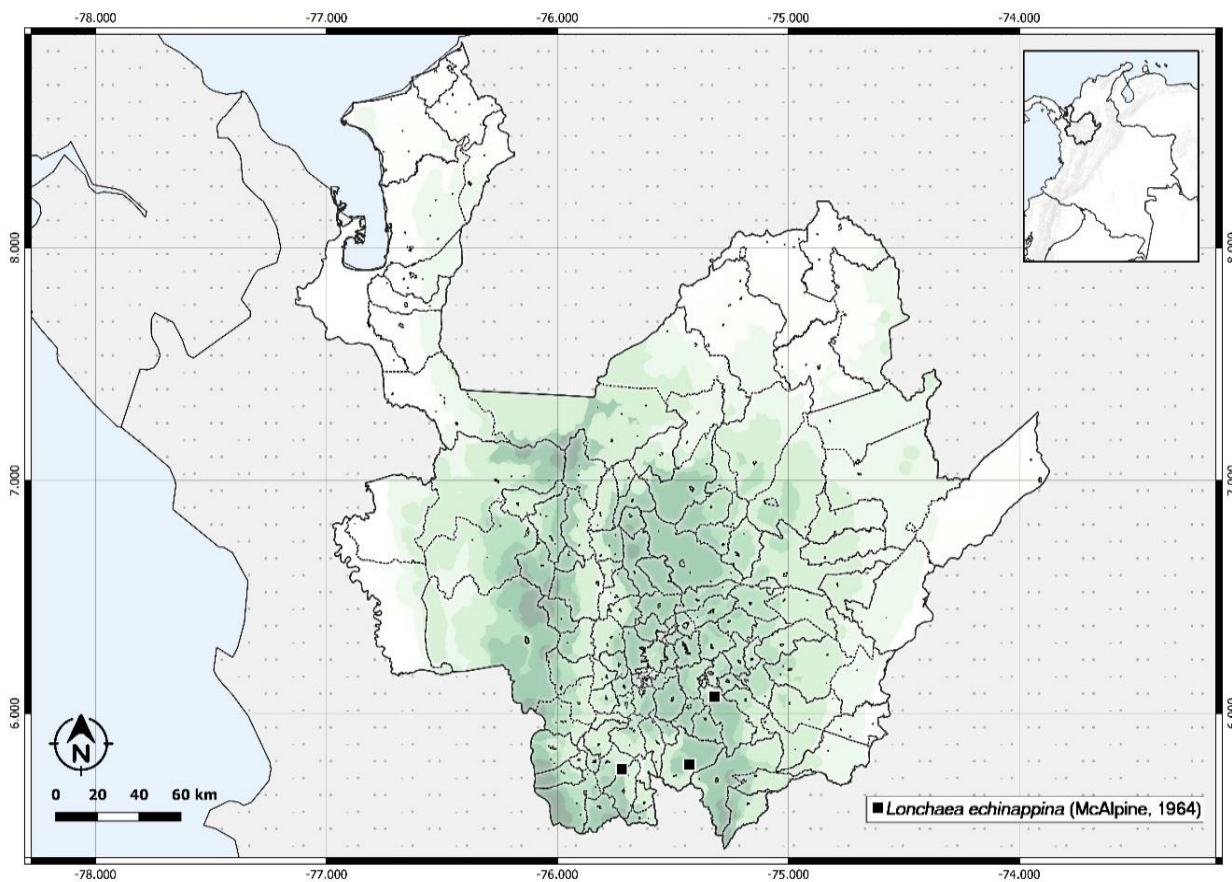


Figura 1-26: Distribución de *Lonchaea echinappina* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Lonchaea longicornis Williston, 1896

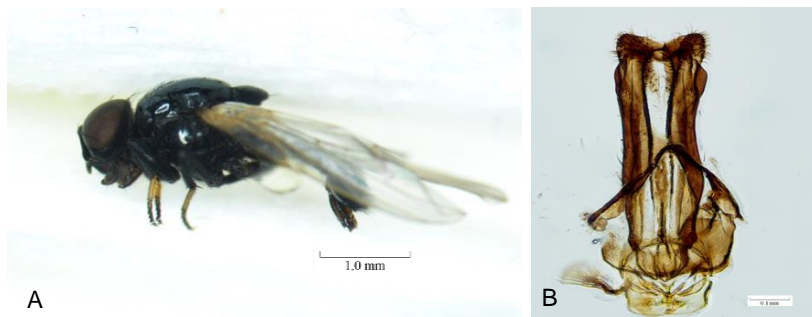


Figura 1-27: *Lonchaea longicornis*. ♂. A. Habitus vista lateral bajo estereomicroscopio con aumento de 20X. B. Genitalia del macho bajo microscopio con aumento de 100X.

Especie con pubescencia larga en la arista (setas al menos 2 veces tan largas como el diámetro del segmento sub-basal); antena muy larga y extensivamente clara (1', 2' y todo el margen interno del 3' segmentos anaranjados); brillo del mesonotum azul-oscuro Korytkowski & Ojeda, (1971). Epandrium estrecho apicalmente en vista lateral y lateralmente estrecho en vista ventral.

Especie de hábitos alimenticios desconocidos. Ha sido reportada en cultivos de pitahaya (*Selenicereus megalanthus*) colectada en trampa McPhail.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó 6 especímenes (3 ♀; 3 ♂). Se registra por primera vez esta especie para el departamento de Antioquia.

COLOMBIA. Antioquia. El Carmen de Viboral. 6°04'19" N 75°19'15" W. 2192 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 22-sep-2018. Valencia, W.

Para Colombia esta especie había sido previamente reportada por el autor, sin embargo, en el reporte no se especifican las coordenadas donde se colectaron los especímenes. Saavedra-Díaz *et al.* (2017) la reportan en Armero Guayabal en frutos de papaya (*Carica papaya*), al norte del departamento del Tolima, la que se considera la única captura soportada para el país hasta la fecha.

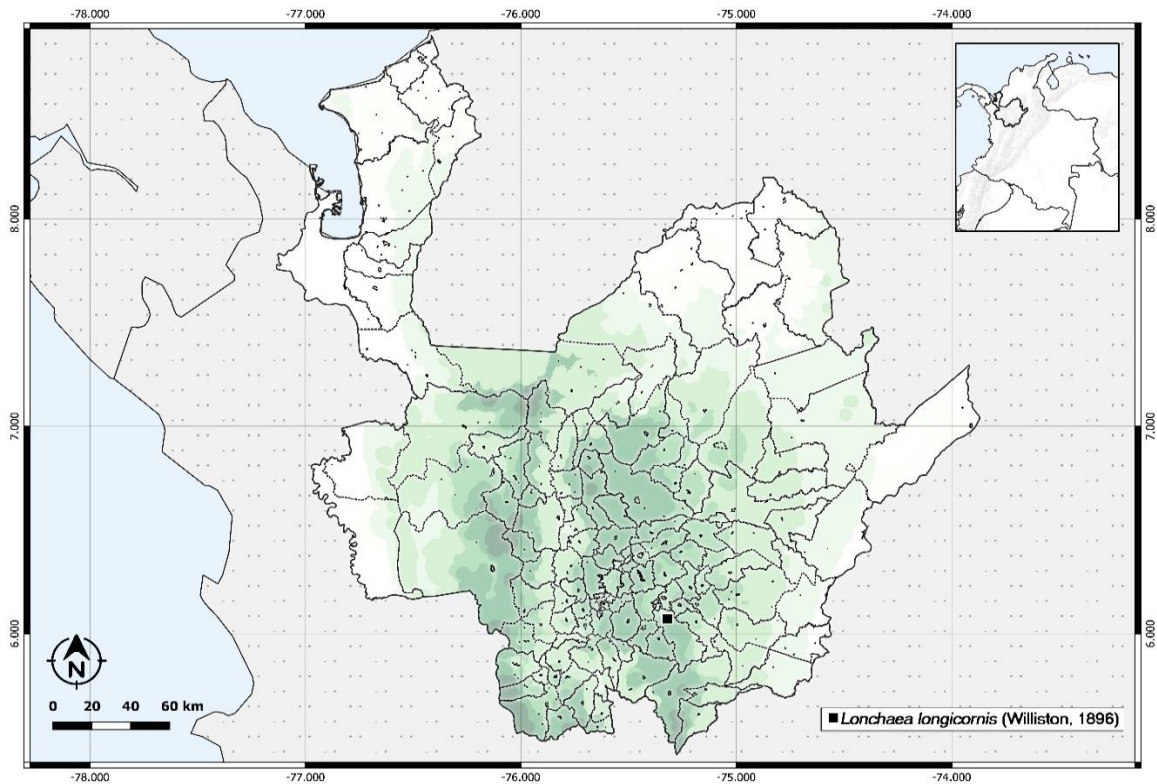


Figura 1-28: Distribución de *Lonchaea longicornis* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

Lonchaea striatifrons Malloch (1920)

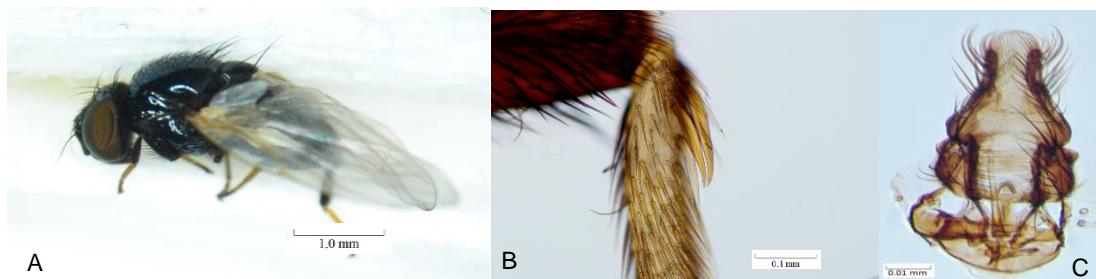


Figura 1-29: *Lonchaea striatifrons*. ♂. A. Habitus vista lateral bajo estéromicroscopio con aumento de 20X. B. Espinas del metatarso posterior bajo estéromicroscopio con aumento de 40X C. Genitalia del macho bajo microscopio con aumento de 100X.

Arista con pubescencia corta (pelos de apenas 1/5 el diámetro del segmento sub-basal); alas completamente hialinas; machos sin cerda engrosada en el 5' urotergito, pero

provistos de dos fuertes espuelas en el metatarso posterior (Figura 1-29B) Korytkowski & Ojeda, (1971).

Los especímenes analizados presentan algunas variaciones respecto al holotipo de la especie entre ellas: falo más alargado y simétrico en la base, cerci sufre una constricción hacia el ápice, mientras que los especímenes neárticos tienen los cerci rectos.

Especie de hábitos alimenticios desconocidos.

Distribución actualizada en el país incluyendo los datos del presente estudio:

Material examinado. Se revisó en total 2 especímenes (2 ♂).

COLOMBIA. Antioquia. Jericó. 5°45'36" N 75°43'19" W. 2143 msnm. En gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims). 21-mar-2018. Vélez, L.

Es el segundo reporte para el país y el primero para el departamento de Antioquia. Saavedra-Díaz *et al.* (2017) la reportaron por primera vez para Colombia en Armero Guayabal, al norte del departamento del Tolima, en frutos de sandía (*Citrullus lanatus*) y melón (*Cucumis melo*).

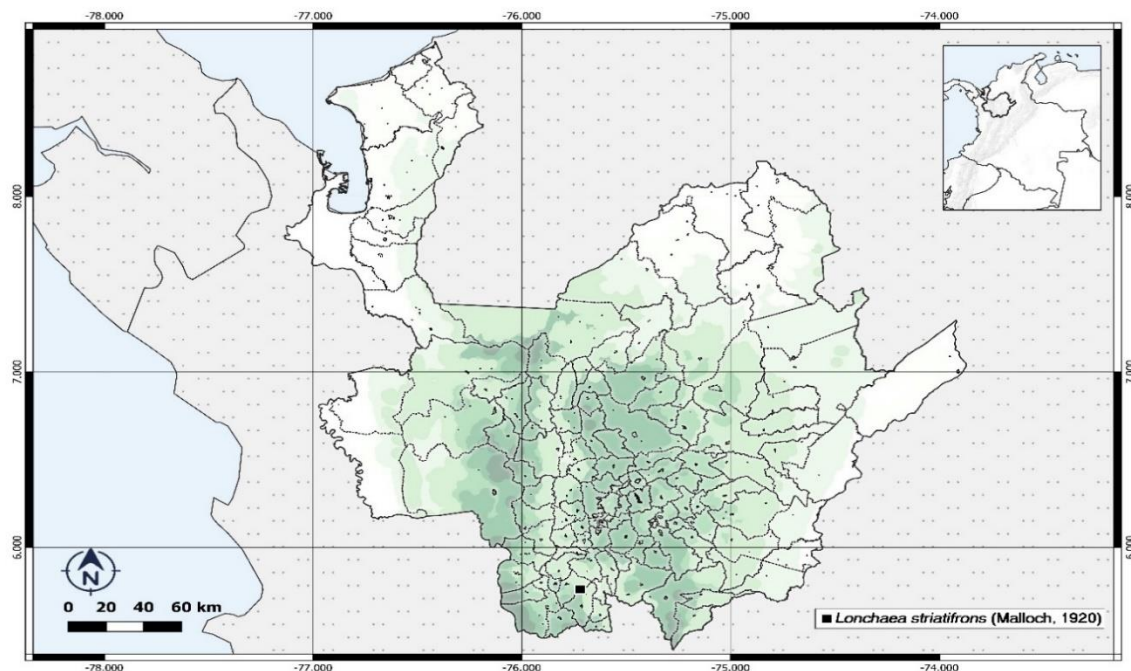


Figura 1-30: Distribución de *Lonchaea striatifrons* en el departamento de Antioquia (QGIS, 2020).

1.3.3 Clave taxonómica para identificación de especies del género *Lonchaea* Fallen (Lonchaeidae: Diptera) de Colombia (basado en machos, Rodríguez & Balseiro 2020).

Con base en las claves de Korytkowski & Ojeda, (1971) y Luna, (1987) para el Perú y el Neotrópico respectivamente, y que se consideran las únicas revisiones detalladas de moscas del género *Lonchaea* de origen Neotropical; se estructuró una clave para identificación de las especies de *Lonchaea* reportadas en Colombia con sus respectivas ilustraciones. Este es el resultado del trabajo de una revisión detallada de la morfología de las especies de este género.

Para las especies como *L. cristula* donde se contó con suficiente material (544 especímenes) se evaluaron nuevos caracteres respecto a las claves de referencia como, por ejemplo, el penacho de setas laterales en la genitalia; para las demás se incluyeron observaciones que aportan a lo que ya había sido analizado en otros trabajos. Para todas las especies se muestra de forma clara los caracteres diagnóstico a diferencia de las claves anteriores y además se hace énfasis en la variación intraespecífica que pueden presentar los especímenes colombianos examinados. También se omitieron los caracteres relacionados con la coloración que no aportaran datos categóricos, excepto, en *L. chalybea*, ya que es la única especie encontrada que presenta tarsos oscuros.

1. -Proporción largo-ancho de la genitalia similar o igual, con espinas prominentes en ambos lados de los surstylus (Fig. 18)*L. curiosa* McAlpine 1964.
 -Proporción de la genitalia más larga que ancha.....2
2. - Presencia de dos fuertes espinas en el metatarso posterior (Fig. 10), alas hialinas.....*L. striatifrons* Malloch (1920).
 - Ausencia de espinas en el metatarso posterior, alas hialinas o infuscadas..... 3
3. - Genitalia con un penacho de setas laterales en el Epandrium (Fig. 19), alas completamente hialinas.....*L. cristula* McAlpine 1964.
 - Ausencia de penacho de setas laterales en el Epandrium.....4

4. - Tarsos marrón o marrón claro sin contrastar con el resto de la pata (Fig. 2), Aedeagus corto menos de un 1/8 de la longitud de la genitalia.....*L. chalybea* Wiedemann (1830).
- Primer y segundo segmento tarsal amarillos o amarillo oscuro contrastando con el resto de la pata.....5
5. -Margen lateral de la base del Aedeagus provisto de 10 a 12 espinas (Fig. 16), aedeagus bisegmentado..... *L. echinappina* McAlpine 1964.
- Margen lateral de la base del aedeagus sin espinas.....6
6. - Epandrium ancho apicalmente en vista lateral y ensanchado en vista ventral (Figs. 12 y 14), alas infuscadas abarcando las celdas bc, c, r1, r2+3, r 4+5 y parte de la M1 (Fig. 13), 1 seta engrosada en el 5° tergito abdominal (Fig. 11) *L. aculeata* Bezzi (1910).
- Epandrium estrecho apicalmente en vista lateral y lateralmente estrecho en vista ventral, alas completamente hialinas, ausencia de setas engrosadas en el 5° tergito abdominal.....*L. longicornis* Williston (1896).

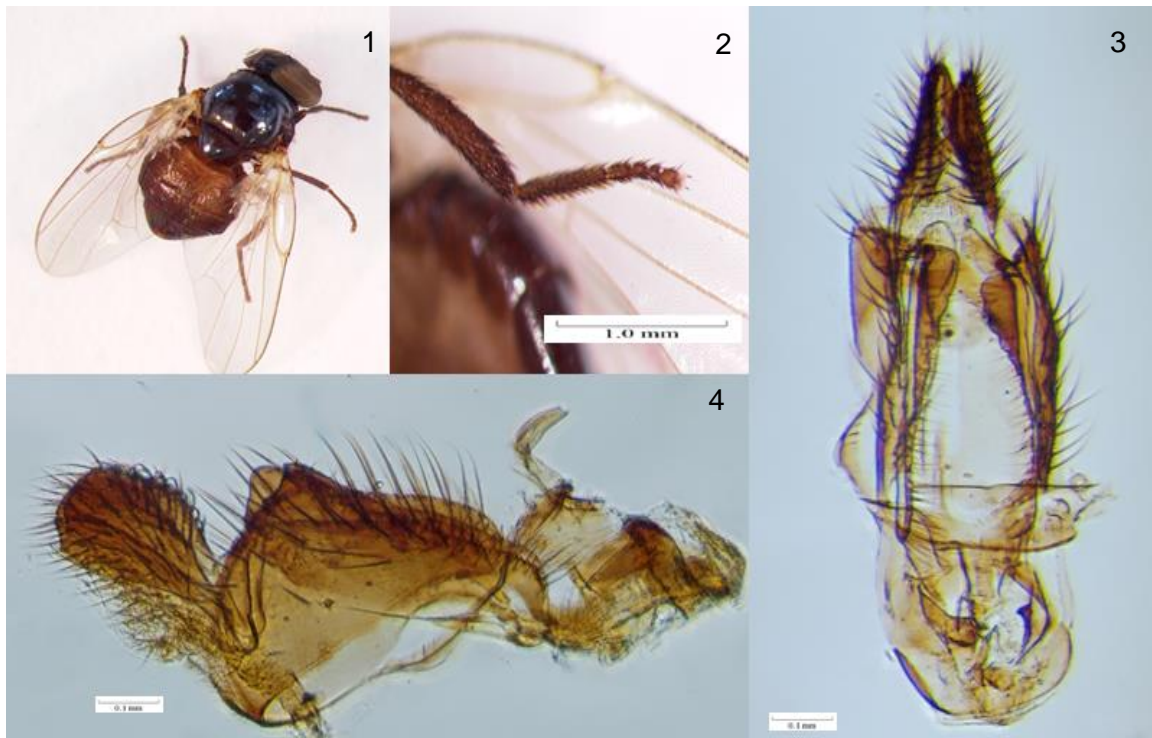


Figura 1-31: *Lonchaea chalybea* Wiedemann (1830) ♂. 1. Habitus en vista dorsal. 2. Detalle de la coloración de los tarsos. 3. Genitalia en vista ventral. 4. Genitalia en vista lateral.

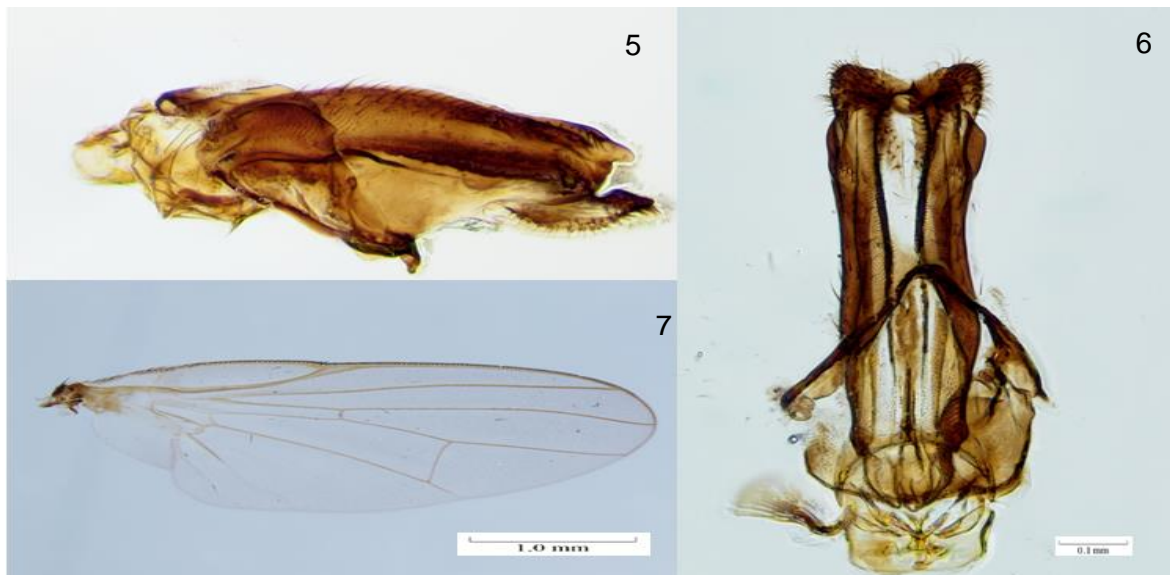


Figura 1-32: *Lonchaea longicornis* Williston (1896) ♂. 5. Genitalia en vista lateral. 6. Genitalia en vista ventral. 7. Ala derecha.



Figura 1-33: *Lonchaea striatifrons* Malloch (1920) ♂. 8. Genitalia en vista lateral. 9. Genitalia en vista ventral. 10. Espinas del metatarso posterior.

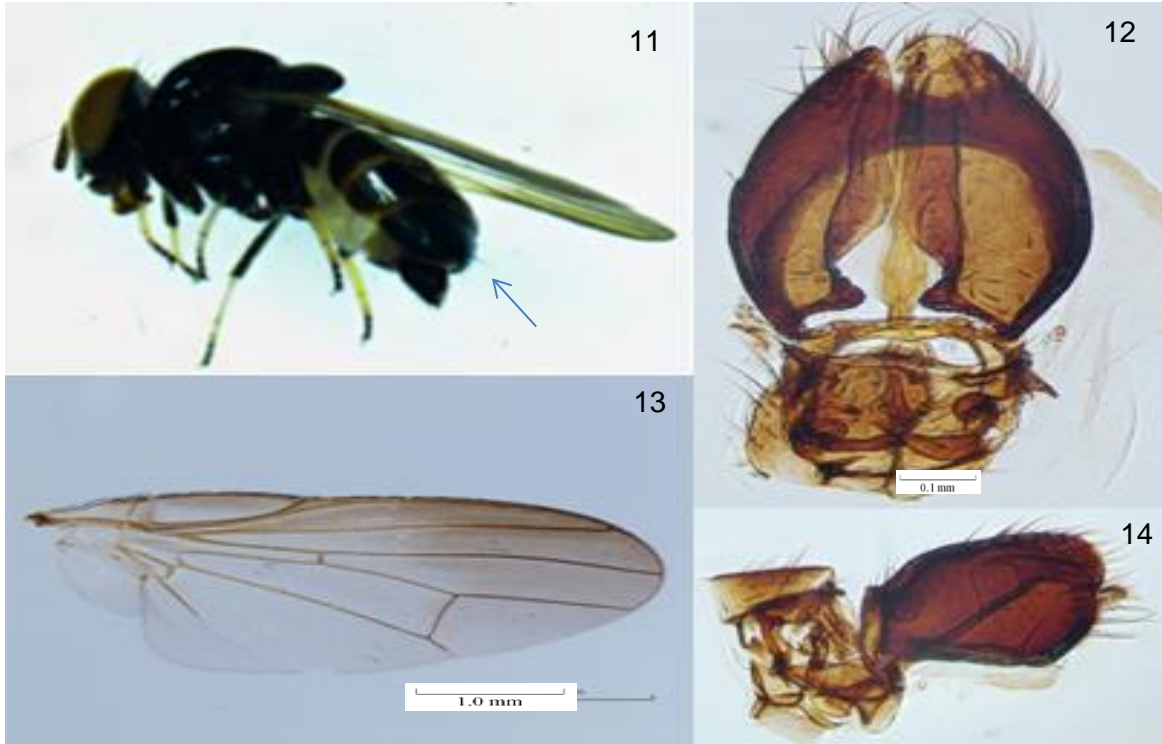


Figura 1-34: *Lonchaea aculeata* Bezzi (1910) ♂. 11. Habitus en vista lateral. 12. Genitalia en vista lateral. 13. Genitalia en vista ventral. 14. Ala derecha.



Figura 1-35: *Lonchaea echinappina* McAlpine 1964 ♂. 14. Genitalia en vista lateral. 15. Genitalia en vista ventral.



Figura 1-36: *Lonchaea curiosa* McAlpine 1964 ♂. 17. Genitalia en vista lateral. 18. Genitalia en vista ventral.



Figura 1-37: *Lonchaea cristula* McAlpine 1964 ♂. 19. Genitalia en vista lateral. 20. Genitalia en vista ventral.

Se identificaron 15 especies de tres géneros (*Dasiops*, *Lonchaea* y *Neosilba*) utilizando taxonomía clásica con base en caracteres morfológicos. Los especímenes identificados estaban asociados a sistemas productivos de pasifloras (Gulupa, Granadilla y Maracuyá) en 14 municipios con 42 localidades del departamento de Antioquia. El método de colecta es similar a lo realizado por Castro en el 2012, donde se colectaron especímenes del género *Dasiops* en cultivos de pasifloras en diferentes sitios del país. Este trabajo es similar, pero a menor escala que el realizado por Korytkowski & Ojeda, (1971) para Lonchaeidos del Perú donde se colectaron muestras de las diferentes provincias del país con trampas McPhail. Para Colombia es el primer trabajo donde se colectan e identifican todas las especies reportadas del género *Lonchaea*.

De las especies encontradas cuatro del género *Dasiops* contaban con reportes previos para el departamento (*D. gracilis*, *D. inedulis*, *D. brevicornis* y *D. rugifrons*), las dos primeras se encontraron afectando frutos y botones florales de gulupa respectivamente y aportan información valiosa a los datos encontrados por Castro, (2012) para dichas especies. *Neosilba batesi* también contaba con un reporte previo para el departamento de Antioquia según McAlpine & Steyskal, (1982), sin embargo, no había sido reportado en la zona afectando frutos de maracuyá con alto grado de descomposición como se encontró en el presente estudio.

Los municipios de Abejorral y Jericó fueron los sitios donde se encontró mayor número de especies con nueve, distribuidas en los tres géneros de la familia Lonchaeidae. Lo cual contrasta con el alto número de cultivos establecidos de pasifloras y para el caso de *Lonchaea* predios rodeados por bosques.

Las otras 10 especies encontradas se colectaron a través de trampas McPhail. *L. cristula* fue la segunda especie con mayor número de especímenes encontrados con 530 (35%) sin embargo no se encontró afectando frutos y existen pocos reportes dónde se haya encontrado; solamente Chacón, (1984) la reportó afectando botones florales, sin embargo, no existe un soporte etológico de dicho estudio.

De las especies encontradas 4 se han considerado de importancia agrícola de acuerdo con los resultados de Castro (2012); Santamaría 2014 y Wyckhuys *et al.* (2012). *D. inedulis* por alimentarse de los botones florales de diferentes especies de pasifloras, mientras que *D. gracilis* y *D. caustoniae* por afectar frutos de gulupa y curuba respectivamente. El 36% de los especímenes analizados pertenecen a la especie *D. gracilis* y fueron colectados en predios cultivados con gulupa, tanto en frutos como en trampas, lo cual es un indicativo que la especie está afectando la producción en los cultivos muestreados.

En este estudio se actualizan los registros de distribución de 15 especies y registran por primera vez en el área de estudio 10 especies. El género *Lonchaea* se registra por primera vez para el departamento, aportando información valiosa para la región y para el país sobre la presencia de las especies encontradas, así como también los agroecosistemas a los que se asocian. Para el caso de las especies encontradas afectando frutos o botones florales también aportan al conocimiento de los insectos que afectan las pasifloras o hacen parte de la fauna asociada a estos cultivos, las cuales son un renglón importante en la producción frutícola de la región.

Se presenta un nuevo registro para Colombia de especie *Lonchaea chalybea*, ampliando a 7 las especies del género y a 46 las especies de la familia Lonchaeidae presentes en el país de acuerdo con lo reportado por Morgado & Suoto en el 2016. Esta especie ha sido reportada como de importancia económica por McAlpine, (1981) al alimentarse de los brotes terminales de plántulas de yuca, sin embargo, en este trabajo se colectó solamente en trampas Mcphail.

Para el género *Lonchaea* también se presentan las primeras imágenes de las genitales de machos, ya que en trabajos anteriores se presentaron solamente ilustraciones y en algunos casos se reportaron especies sin ilustraciones ni imágenes concretas como por ejemplo en la clave de Luna, (1988). Para este género también se presenta una clave para especies encontradas, que a su vez incluye todas las especies reportadas anteriormente para el país y que se constituye en la primera clave para identificación de especies colombianas de este género.

Los especímenes de *Lonchaea striatifrons* presentan variaciones respecto a los holotipos y especímenes de la región neártica tales como el falo más alargado y simétrico en la base y el cerci sufre una constricción hacia el ápice; también se evidencia una variación en las espinas tibiales de las patas posteriores. Algo similar sucede con *Lonchaea echinnapina* donde los especímenes revisados presentan variaciones en la longitud del aedeagus, así como en la forma de la genitalia respecto a los datos de la especie publicados por Luna en 1988; cabe anotar que como sucede en muchas especies la descripción de esta especie se realizó con un número reducido de especímenes de Colombia y que posiblemente no se logró recoger una cantidad significativa de la variabilidad morfológica de la especie.

Para géneros como *Lonchaea* y *Neosilba* la diferencia en el número de individuos de acuerdo con el sexo es marcada hacia las hembras por la necesidad de estas de encontrar alimento; dado que en temas agrícolas la afectación es causada por este sexo, se hace indispensable que las herramientas de identificación permitan identificar cualquier individuo sin importar el estado ontogénico u otro factor.

La mayor limitante del presente estudio es la falta de herramientas para identificación de insectos de la familia Lonchaeidae, especialmente del género *Lonchaea* cuyas claves mas recientes datan de 1988.

Los estudios realizados para especies de la familia Lonchaeidae no abarcan la diversidad del país, además, los métodos de colecta utilizados tampoco abarcan la totalidad de los utilizados para la colecta de especímenes del grupo; de acuerdo con esto se hace necesario implementar estudios que complementen los estudios de Galeano & Canal, (2012) y Castro, (2012) donde se reconocen las especies de una región o departamento. Otro aspecto importante que se debe considerar en los estudios del grupo es lo relacionado con la biología y ecología de las especies, teniendo en cuenta que para la gran parte de las especies reportadas para el país se desconoce su hábito alimenticio.

2. Capítulo 2

Variabilidad morfológica y molecular para las especies del género *Lonchaea* de Antioquia.

Resumen

Lonchaea es el género con mayor número de especies y distribución dentro de la familia Lonchaeidae. Normalmente los individuos de esta familia son confundidos con los de la familia de Tephritidae cuando se encuentran afectando frutos. Los pocos estudios taxonómicos que existen sobre el género *Lonchaea* hacen que la identificación de especies sea realmente difícil, especialmente con base en las hembras ya que todas las claves existentes están basadas en machos. Tampoco se cuenta con información o datos moleculares representativos del género que permitan una asignación rápida de individuos con base en la comparación con secuencias o haplotipos de regiones como la llamada código de barras de ADN (*cox1*). En este capítulo se analizó la relación entre la variabilidad morfológica y molecular para especímenes del género *Lonchaea*, considerando una identificación inicial de las especies con base en la morfología de los machos. Utilizando la metodología del código de barras de ADN se logró asignar especímenes hembras que son de difícil identificación por morfología a haplogrupos o M-OTUs (Unidades Taxonómicas Operativas Moleculares) en los cuales se agruparon con individuos machos previamente identificados y con asignación de especies verificada por el especialista. Se encontraron 27 haplotipos en 40 secuencias del mismo número de especímenes, los cuales se distribuyeron en 10 haplogrupos cuando fueron analizados mediante Neighbor Joining y ABGD. De los 10 M-OTUs 7 con divergencias intragrupo entre 0% y 2%, correspondieron a especies identificadas por morfología y 3 a morfoespecies no correspondientes con las especies previamente descritas, con posible asignación como nuevas especies. La variación entre especies estuvo entre 6 y 17% y de acuerdo con análisis de variación intra vs interespecie, se considera que esta región es un buen marcador para separar las especies estudiadas.

Palabras clave: Taxonomía, *Lonchaea*, Códigos de barras de ADN

Abstract

Lonchaea is the genus with the largest number of species and distribution within the Lonchaeidae family. Normally the individuals of this family are confused with those of the Tephritidae family when they are affecting fruits. The few taxonomic studies that exist on the genus *Lonchaea* make species identification really difficult, especially based on females since all the existing keys are based on males. Neither is their information or molecular data representative of the genus that allow a rapid assignment of individuals based on comparison with sequences or haplotypes of regions such as the so-called DNA barcode (*cox1*). In this chapter, the relationship between morphological and molecular variability for specimens of the genus *Lonchaea* was analyzed, considering an initial identification of the species based on the morphology of the males. Using the DNA barcode methodology, it was possible to assign female specimens that are difficult to identify by morphology to haplogroups or M-OTUs (Molecular Operational Taxonomic Units) in which they were grouped with previously identified male individuals and with species assignment verified by the specialist. 27 haplotypes were found in 40 sequences of the same number of specimens, which were distributed in 10 haplogroups when they were analyzed by Neighbor Joining and ABGD. Of the 10 M-OTUs, 7 with intragroup divergences between 0% and 2%, corresponded to species identified by morphology and 3 to morphospecies not corresponding to the previously described species, with possible assignment as new species. The variation between species was between 6 and 17% and according to the intra vs interspecies variation analysis; it is considered that this region is a good marker to separate the studied species.

Key words: Taxonomy, *Lonchaea*, Barcode

2.1 Introducción

Las limitaciones inherentes a la taxonomía y al conocimiento de caracteres taxonómicos morfológicos en grupos particulares de insectos, hacen que sea necesario el estudio detallado de especies con variación críptica o límites entre categorías confusas o en discusión. En este contexto, es cada vez más frecuente la búsqueda de alternativas que complementen la identificación taxonómica y el uso de estrategias innovadoras y vigentes que permitan avanzar en el conocimiento de tales grupos.

Los sistemas de identificación microgenómica, o usando regiones que permitan la discriminación de los seres vivos a través del análisis de pequeños segmentos del genoma o de genomas completos, representan un enfoque prometedor para el diagnóstico de la diversidad biológica (Hébert *et al.*, 2003).

Con la aparición y uso exitoso de las herramientas moleculares, se impulsó el descubrimiento de especies crípticas en muchos grupos animales, especialmente en insectos. Incluso se propusieron las secuencias “códigos de barras de ADN” como una forma prometedora de identificación molecular, que acompañada de información taxonómica clásica podría globalizar y democratizar el conocimiento de la biodiversidad (Janzen *et al.*, 2009).

De forma global el código de barras del ADN resulta de gran utilidad para la identificación de especies pertenecientes a taxones difícilmente diagnosticables sobre la base de morfología y también para grupos de organismos, como por ejemplo las aves, cuyos problemas taxonómicos fundamentales no han sido resueltos convenientemente por los especialistas (Kerr *et al.*, 2007).

Un buen sistema de identificación taxonómica de insectos debería en principio proporcionar a los investigadores la capacidad de identificar una especie independientemente del sexo del organismo; sin embargo, en muchos grupos como en el orden Diptera las claves morfológicas se basan solamente en los machos y al presentar dimorfismo sexual se dificulta llegar a una determinación al nivel de especie cuando se colecta un espécimen hembra. Para mejorar los procesos de asignación de identidad en casos como estos, es importante considerar la llamada “taxonomía integrativa”, que corresponde al uso de diferentes aproximaciones incluyendo morfología, molecular,

ecología, etología, estadística, para la identificación de seres vivos. De acuerdo con Will *et al.* (2005) mediante la «taxonomía integrativa» los taxónomos podrán proporcionar al resto de la comunidad científica, los medios que permitan identificar las especies y taxones superiores, ya sea mediante el uso de secuencias del gen Citocromo Oxidasa I en combinación con otros genes y con caracteres morfológicos.

Lonchaea Fallen (Lonchaeinae: Lonchaeini), es el género más grande de los nueve que se reportan actualmente para la familia Lonchaeidae a nivel mundial, se encuentra en todas las regiones zoogeográficas, excepto la Antártida, con 218 especies descritas (Macgowan & Rotheray, 2019). Muy poco es lo conocido sobre taxonomía y biología de este género, el cual parece estar bien representado en América tropical. Aunque solamente 29 especies han sido registradas hasta la actualidad para la región Neotropical, existen seguramente muchas especies por describir, cuya gran similitud morfológica, hace sumamente difícil su determinación (Korytkowski & Ojeda, 1971).

La identificación en el género *Lonchaea* se realiza con base en machos; sin embargo, como pasa en la mayoría de los dípteros, hay gran dificultad en las hembras y muchas de las trampas o métodos de recolección en campo las colectan, siendo la mayor parte del material disponible en condiciones de laboratorio para asignar la identidad y relacionar especies con daño.

De acuerdo con Lanteri (2007) uno de los aspectos positivos de la iniciativa «códigos de barras de ADN» es que posibilita la asociación de los distintos estados de desarrollo ontogénico o de sexo de la misma especie. En concordancia con lo anterior, la presente investigación asignó las secuencias código de barra a individuos del género colectados

en campo, incluyendo algunos determinados hasta especie o morfoespecie, mediante un estudio exhaustivo de su morfología y trabajo con un especialista. De esta forma se evaluó la correlación de las agrupaciones realizadas con base en morfología incluyendo estos especímenes y las obtenidas por molecular y se asignó la identidad a las hembras de acuerdo a su ubicación en los M-OTUs o haplogrupos definidos por las secuencias. Esto se considera un avance importante hacia el uso de la taxonomía integrativa y en particular la incorporación de caracteres moleculares para el trabajo con el género *Lonchaea*.

2.2 Materiales y métodos

Material biológico

Del material colectado por el sistema de monitoreo de moscas de la fruta del Instituto Colombiano Agropecuario ICA en el departamento de Antioquia entre marzo de 2018 y enero de 2019 se seleccionaron 100 muestras. De estas 44 fueron obtenidas a través de muestreo de frutos de pasifloras y 56 de trampas McPhail cebadas con proteína hidrolizada de maíz, enriquecida con bórax. Las trampas estaban ubicadas en predios productores de maracuyá (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Degener), curuba (*Passiflora tripartita* var. *mollissima* Nielsen y Jorgensen), gulupa (*Passiflora edulis* f. *edulis* Sims) y granadilla (*Passiflora ligularis* Juss) registrados ante el ICA. Del material en las trampas se seleccionaron las muestras del género *Lonchaea* las cuales fueron previamente identificadas con base en caracteres morfológicos; finalmente se tomó una submuestra de cada sitio con el fin de realizar la extracción de ADN, la amplificación de la región de interés y los demás procesos hasta la obtención de las secuencias de cada uno de los especímenes del género *Lonchaea*.

2.2.1 Extracción de ADN

Para la extracción se utilizó el kit DNeasy 250 Blood & Tissue (Qiagen, Alemania) y se siguió el protocolo sugerido por el fabricante. De cada espécimen se tomó el tórax y dos patas, las demás estructuras se guardaron para los montajes de genitales y la identificación con base en caracteres morfológicos. El éxito de las extracciones del ADN total se verificó mediante cuantificación, inicialmente en un espectrofotómetro UV-VIS de barrido espectral y posteriormente en una electroforesis en un gel de agarosa al 0.1% con GelRed a 80 voltios durante 45 minutos.

2.2.2 Amplificación

Se utilizaron los oligonucleótidos de la región *coxI* propuestos por la iniciativa de códigos de barras de ADN (IBOL): LCO1490 - GGTCACAAATCATAAAGATATTGG (sentido 3´-5´) y HCO2198 - TAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA (sentido 5´-3´) (Hébert *et al.*, 2003). La amplificación usando la técnica de Reacción en Cadena de la Polimerasa, PCR se realizó en un volumen de reacción final de 30 µl incluyendo 3 µL de buffer, 1.92 µL dNTPs, 2.6 µL MgCl₂, 0,5 µL Platinum® Taq DNA Polimerasa, 0.96 µL de cada oligonucleótido, 15.26 µL H₂O ultrapura y 4.8 µL de ADN. La reacción fue llevada a cabo en un termociclador C-1000 (BIORAD). El programa de ciclo térmico de PCR consistió en desnaturalización inicial de 5 min (94 °C), seguida por 35 ciclos de 94 °C durante 1 min (desnaturalización), 45 °C durante 1.50 min (alineamiento), 72 °C durante 1.50 min (extensión), y una extensión final a 72° C durante 5 min y finalmente manteniendo a -25 ° C hasta su análisis. Los productos de PCR se analizaron por electroforesis en gel de agarosa al 1.6% a 80 V durante 45 minutos en 1 × TBE Buffer; teñido en 5 µl de SYBR Safe DNA Gel Stain, observados en un sistema de electroforesis ENDURO™ Gel XL y finalmente visualizados en el Sistema de documentación de gel.

2.2.3 Secuenciación

Luego de verificar la amplificación del fragmento de ADN objetivo se procedió a una purificación de los productos de PCR y finalmente a la secuenciación por el método de Sanger a través de un proveedor externo con un secuenciador automático ABI 3730xl (Applied Biosystems™).

2.2.4 Edición de secuencias

La calidad de las secuencias obtenidas fue verificada a través de programas bioinformáticos. Inicialmente a través del programa Geneious Prime se verificó la calidad del electroferograma y seguidamente se halló la secuencia consenso. Durante el análisis para detectar la presencia de NUMTS en las secuencias, según lo sugerido por Song *et al.*, (2008), durante los pasos de observación de los cromatogramas, se examinó la presencia de ambigüedades, picos dobles y el ruido, entendido como difícil lectura de los picos. Posteriormente, se examinó la composición nucleotídica para detectar sesgos y se verificó la ausencia de acumulación de mutaciones, codones de parada e indels.

Posteriormente con el fin de verificar que las secuencias pertenecían al grupo estudiado se realizó un BLAST (Altschul, 2005) tomando como referencia el genoma de *Ceratitris capitata* Wiedemann, 1824 (NCBI: NC_000857.1) se alineó cada una de las secuencias para confirmar la identidad del gen.

Las secuencias consenso obtenidas para cada individuo se alinearon usando el algoritmo MUSCLE (Edgar, 2004), el cual es un método iterativo que reduce los errores de los métodos progresivos y brinda un mejor resultado sin importar la calidad de las secuencias, además se examinaron visualmente, para asegurar que no existían codones de parada ni mutaciones en el marco de lectura.

El alineamiento final fue caracterizado en términos de variabilidad nucleotídica y frecuencia de transiciones y transversiones. El número de haplotipos se estimó en el programa DnaSP versión 6.0 (Rozas *et al.*, 2017). El análisis de divergencia entre las secuencias que correspondían a los individuos de 9 localidades, medido por distancias genéticas, se realizó a través del programa MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) las cuales fueron calculadas utilizando el modelo de distancia de Kimura 2 parámetros —K2P11 (Kimura, 1980), con base en el cual se calcularon las distancias inter e intraespecíficas con bootstrap de 10000 réplicas. De acuerdo con los valores obtenidos se realizó el análisis Neighbour-Joining (NJ), el cual provee una representación gráfica de los patrones de divergencia entre especies.

También se incluyeron las secuencias disponibles en Bold Systems para el grupo revisando cuidadosamente su procedencia y autores, de forma que pudiesen aportar información para el análisis.

2.2.5 Evaluación de la correspondencia morfología-molecular y asignación de identidad a las hembras con base en las secuencias.

Para asignar la identidad de las hembras con base en su inclusión en haplogrupos de machos previamente identificados por morfología y corroborados por expertos se utilizaron dos criterios de amplio uso en estudios de esta índole:

- 1). Los rangos de divergencia expresados como distancias genéticas: “La divergencia de la secuencia de código de barras de ADN entre la mayoría de las especies congéneres es generalmente superior al 2%” (Hébert, *et al.*, 2003), mientras que la variación intraespecífica suele ser inferior al 1% (Avice, 2000). Sin embargo, estudios realizados para el orden Diptera arrojan datos variables y se hace necesario realizar análisis puntuales; por ejemplo: Meier (2006) encontró que la variación intraespecífica e interespecífica se superpone ampliamente en las secuencias *cox1* de Diptera (0% a 15,5%) con el 99% de todas las distancias congénéricas que caen en este intervalo.

En grupos cercanos a Lonchaeidae como la familia Tephritidae, las divergencias genéticas intraespecíficas basadas en el modelo K2P de las secuencias *cox1* entre 42 taxones de moscas de la fruta variaron de 0 a 10,3% y las divergencias genéticas interespecíficas mínimas oscilaron entre 0% y 16,3% con un promedio de 5,3% (Kunprom & Pramual, 2019).

Para la familia Lonchaeidae no se cuenta con distancias de referencia para comparar, por ello se incluyeron secuencias disponibles en las bases de datos BOLD (visitados en el mes de julio, 2020), con el fin de realizar análisis más profundos a nivel de género y analizar las distancias entre las secuencias del neártico y el neotrópico.

2) Las unidades taxonómicas moleculares operacionales (M-OTUs) fueron identificadas de acuerdo con las distancias genéticas intra e inter-especie calculadas y según las agrupaciones dentro de un dendrograma inferido por el algoritmo de “Neighbor-Joining” (NJ) (Saitou y Nei, 1987) (modelo K2P, “bootstrap” = 10.000 réplicas) (Felsenstein, 1982).

Adicionalmente se llevó a cabo un análisis a través de un procedimiento automático usando el software ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery), a través del sitio web del fabricante (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>) (día de ingreso 30 de julio, 2020), este software permite ordenar las secuencias en especies hipotéticas en función de la brecha de código de barras, que se puede observar siempre que la divergencia entre organismos pertenecientes a la misma especie es menor que la divergencia entre organismos de diferentes especies (Puillandre et al, 2012). El programa ofrece tres modelos de distancia o separación, K2P (Kimura dos parámetros), JC69 (Jukes Cantor, 1969) y un modelo de sustitución simple. En el presente estudio se realizaron los análisis usando la versión online, y el modelo escogido para las agrupaciones fue K2P.

2.3 Resultados

Se purificaron y secuenciaron en ambos sentidos un total de 40 muestras para un total de 80 reacciones. Se obtuvieron 40 secuencias del fragmento 5' del gen *cox1*, con un tamaño aproximado de 674 pb, del total 22 secuencias corresponden a especímenes morfológicamente identificados de 7 especies del género *Lonchaea*, así como también 14 secuencias de hembras sin identificación a nivel de especie y 4 secuencias de morfotipos de machos sin asignación por morfología. En la tabla 2-1 se muestran los datos de cada una de las secuencias obtenidas.

Tabla 2-1: Códigos de las secuencias *cox1* de especies de *Lonchaea* colectados en Colombia relacionando especie, localidad, sexo y código de la secuencia.

ESPECIE	SEXO	LOCALIDAD	SECUENCIA	ID. POR MORFOLOGIA
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, Jericó, Vallecitos, La Aurora	Lcr88-1	SI
<i>L. cristula</i>	H	Antioquia, La Ceja, Llanadas, Manantial	Lcr82-2	NO
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, La Ceja, Llanadas, Manantial	Lcr82-1	SI
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lcr81-1	SI
<i>L. cristula</i>	H	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lcr81-2	NO
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lcr66-1	SI
<i>L. cristula</i>	H	Antioquia, Abejorral, La Esperanza, Agroaves s.a. s	Lcr44-2	NO
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, La Ceja, Llanadas, Manantial	Lcr29-1	SI
<i>L. cristula</i>	H	Antioquia, Guarne, NI, El Tesoro	Lcr28-2	NO
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, Guarne, NI, El Tesoro	Lcr28-1	SI
<i>L. cristula</i>	H	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Lcr25-2	NO
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Lcr25-1	SI
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, Guarne, Las Hojas, NR	Lcr19-1	SI
<i>L. cristula</i>	H	Antioquia, Guarne, Las Hojas, NR	Lcr19-2	NO
<i>L. cristula</i>	H	Antioquia, Abejorral, NI, San Felipe	Lcr11-2	NO
<i>L. cristula</i>	M	Antioquia, El Peñol, Horizonte, San Bartolo	Lcr5-1	SI
<i>L. longicornis</i>	H	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Llo26-2B	NO
<i>L. longicornis</i>	M	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Llo26-1C	SI

Tabla 2-1: (Continuación).

<i>L. longicornis</i>	M	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Llo26-1A	SI
<i>L. longicornis</i>	M	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Llo26-1B	SI
<i>L. longicornis</i>	H	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Llo26-2A	NO
<i>L. longicornis</i>	H	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Llo26-2C	NO
<i>L. aculeata</i>	H	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lac20-2B	NO
<i>L. aculeata</i>	M	Antioquia, San Vicente, NI, La Tomatera	Lac23-1	SI
<i>L. aculeata</i>	H	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Lac26-2	NO
<i>L. aculeata</i>	M	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lac70-1	SI
<i>L. aculeata</i>	M	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Lac26-1	SI
<i>L. aculeata</i>	H	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lac20-2A	NO
<i>L. curiosa</i>	H	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lcu20-2	NO
<i>L. curiosa</i>	M	Antioquia, El Peñol, Horizonte, San Bartolo	Lcu5-1	SI
<i>L. curiosa</i>	M	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lcu20-1	SI
<i>L. curiosa</i>	M	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lcu70-1	SI
<i>L. striatifrons</i>	M	Antioquia, Jericó, Vallecitos, La Aurora	Lst90-1A	SI
<i>L. striatifrons</i>	M	Antioquia, Jericó, Vallecitos, La Aurora	Lst90-1B	SI
<i>L. chalybea</i>	M	Antioquia, Guarne, NI, El Tesoro	Lch28-1	SI
<i>L. echinappina</i>	M	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lec17-1	SI
<i>Lonchaea</i> sp. 3	M	Antioquia, Jericó, La Mama, Benedictinos	Lsp17-1	NO
<i>Lonchaea</i> sp. 5	M	Antioquia, El Carmen de Viboral, Betania, Los Papayos	Lsp25-1	NO
<i>Lonchaea</i> sp. 4	M	Antioquia, Abejorral, NI, San Felipe	LspCL12-1	NO
<i>Lonchaea</i> sp. 3	M	Antioquia, Abejorral, NI, San Felipe	LspGB12-1	NO

Se descargaron 26 secuencias pertenecientes a 11 especies del género *Lonchaea* de la plataforma de Bold, colectadas en Canadá, Suecia, Alemania y Finlandia, con el fin de obtener las distancias intra y entre especies con el propósito de tener un marco de referencia para las secuencias propias, aunque fueran extraídas en zonas geográficamente distantes, los detalles de colecta y códigos de estas secuencias aparecen en la tabla 2-2.

Tabla 2-2: Códigos de las secuencias *cox1* de especies de *Lonchaea* colectados en Canadá y Europa relacionando especie, localidad y sexo.

ESPECIE	SEXO	PAIS	LOCALIDAD	ID SECUENCIA
<i>Lonchaea chorea</i>	ND	Canadá	Kawartha Lakes, Ontario	BARSJ166-16
<i>Lonchaea chorea</i>	ND	Canadá	Kawartha Lakes, Ontario	BARSJ166-16 (2)
<i>Lonchaea chorea</i>	ND	Canadá	Riding Mountain NP, Manitoba	CNRME1151-12
<i>Lonchaea chorea</i>	F	Suecia	Moerbylanga kommun, Oland	NSMTP064-15
<i>Lonchaea chorea</i>	F	Suecia	Moerbylanga kommun, Oland	NSMTP065-15
<i>Lonchaea chorea</i>	M	Suecia	Munkfors kommun, Varmland	NSMTP063-15
<i>Lonchaea chorea</i>	ND	Canadá	Kawartha Lakes, Ontario	BARSL460-16
<i>Lonchaea ragnari</i>	F	Canadá	Prince Albert NP, Saskatchewan	BBDCQ364-10 (2)
<i>Lonchaea ragnari</i>	F	Canadá	Prince Albert NP, Saskatchewan	BBDCQ364-10
<i>Lonchaea ragnari</i>	M	Suecia	Kiruna kommun, Torne Lappmark	NSMTP079-15
<i>Lonchaea ragnari</i>	F	Canadá	Kouchibouguac NP, N Brunswick	BBDEE011-10
<i>Lonchaea ragnari</i>	F	Canadá	Kouchibouguac NP, N Brunswick	BBDEE011-10 (2)
<i>Lonchaea obscuritarsis</i>	M	Suecia	Nybro kommun, Smaland	NSMTP074-15
<i>Lonchaea obscuritarsis</i>	M	Suecia	Gotlands kommun, Gotland	NSMTP075-15
<i>Lonchaea sylvatica</i>	F	Suecia	Nybro kommun, Smaland	NSMTP042-15
<i>Lonchaea sylvatica</i>	M	Suecia	Nybro kommun, Smaland	NSMTP043-15
<i>Lonchaea bukowski</i>	F	Finlandia	Oulu, NE of Kiiminki	GMFIG491-12
<i>Lonchaea bukowski</i>	F	Suecia	Oedeshoegs kommun, Ostergotland	NSMTP062-15
<i>Lonchaea nitens</i>	F	Suecia	Nybro kommun, Smaland	NSMTP071-15
<i>Lonchaea nitens</i>	F	Suecia	Oedeshoegs kommun, Ostergotland	NSMTP072-15
<i>Lonchaea nitens</i>	F	Suecia	Nybro kommun, Smaland	NSMTP073-15
<i>Lonchaea fraxina</i>	M	Suecia	Munkfors kommun, Varmland	NSMTP069-15
<i>Lonchaea patens</i>	F	Suecia	Munkfors kommun, Varmland	NSMTP077-15
<i>Lonchaea postica</i>	ND	Alemania	Rhineland-Palatinat	GMGMC834-14
<i>Lonchaea hackmani</i>	F	Suecia	Oedeshoegs kommun, Ostergotland	NSMTP070-15
<i>Lonchaea tarsata</i>	M	Suecia	Moerbylanga kommun, Oland	NSMTP041-15

2.3.1 Alineamiento, composición y divergencia nucleotídica

La verificación de la identidad de las secuencias realizada por comparación con el alineamiento de referencia de *Ceratitis capitata* Wiedemann, 1824 (NCBI: NC_000857.1) indicó que las secuencias corresponden a las posiciones 1558 a 2234 del genoma mitocondrial confirmando la amplificación de la región de interés que presentó un tamaño de 674 nucleótidos en promedio.

Para cada individuo se realizó un alineamiento en doble sentido para obtener la secuencia consenso previa revisión manual de la calidad de los electroferogramas.

Se confirmó la ausencia de NUMTs en las secuencias obtenidas considerando que no se obtuvieron dobles bandas de PCR o picos dobles en los cromatogramas; así mismo, no se observaron eventos indel (inserción- deleción).

Las secuencias consenso fueron comparadas con secuencias del Genbank de la especie *Lonchaea ragnari* (HQ582074.1) y *Lonchaea corea* (KR660353.1) a través de la herramienta BLAST (Altschul, 2005) del Genbank, usando el parámetro MegaBLAST, para evaluar la brecha e identidad entre las secuencias. Se obtuvieron identidades por encima del 87% y brechas menores a 2/651.

Posteriormente se realizó un alineamiento múltiple utilizando el método de unión de vecinos simple a través del programa MEGA X. En 40 secuencias se obtuvieron 27 haplotipos de 9 localidades (ver tabla 2-3), donde todas las hembras sin identificar se agruparon en haplotipos con machos previamente identificados.

El análisis de composición nucleotídica a través de Mega X mostró un alto contenido de Adenina y Timina (67%), mientras que el contenido de Guanina y Citosina fue 33% en promedio para las 40 secuencias analizadas. Los datos concuerdan con los de otros estudios realizados para el orden Diptera y de además corresponde a lo observado en la mayoría de los genomas mitocondriales de insectos, especialmente en las regiones codificantes (Hoy 2003).

En el alineamiento de las 40 secuencias obtenidas, a lo largo de las 656 posiciones nucleotídicas fueron encontrados 473 sitios conservados (72%) y 183 sitios variables (28% de variación). También se mostraron 158/637 sitios parsimoniosos y 25/637 singletons.

Tabla 2-3: Haplotipos de las secuencias *cox1*

HAPLOTIPO	# DE SECUENCIAS	COMPOSICIÓN INDIVIDUOS
Hap_1	3	<i>L._cristula</i> 81-1 <i>L._cristula</i> 81-2 <i>L._cristula</i> 66-1
Hap_2	2	<i>L._striatifrons</i> 90-1B <i>L._striatifrons</i> 90-1A
Hap_3	1	<i>Lonchaea</i> sp. GB12-1
Hap_4	1	<i>Lonchaea</i> sp. CL12-1
Hap_5	1	<i>Lonchaea</i> sp. 17-1
Hap_6	1	<i>Lonchaea</i> sp. 25-1
Hap_7	1	<i>L._longicornis</i> 26-2C
Hap_8	2	<i>L._longicornis</i> 26-2B <i>L._longicornis</i> 26-2A
Hap_9	2	<i>L._longicornis</i> 26-1C <i>L._longicornis</i> 26-1B
Hap_10	1	<i>L._longicornis</i> 26-1 ^a
Hap_11	1	<i>L._echinappina</i> 17-1
Hap_12	1	<i>L._curiosa</i> 70-2
Hap_13	1	<i>L._curiosa</i> 70-1
Hap_14	4	<i>L._aculeata</i> 20-2B <i>L._aculeata</i> 20-2A <i>L._aculeata</i> 26-2 <i>L._aculeata</i> 26-1
Hap_15	1	<i>L._curiosa</i> 20-1
Hap_16	1	<i>L._curiosa</i> 5-1
Hap_17	1	<i>L._cristula</i> 88-1
Hap_18	6	<i>L._cristula</i> 82-2 <i>L._cristula</i> 44-2 <i>L._cristula</i> 25-1 <i>L._cristula</i> 19-2 <i>L._cristula</i> 19-1 <i>L._cristula</i> 5-1
Hap_19	1	<i>L._cristula</i> 82-1
Hap_20	1	<i>L._cristula</i> 29-1
Hap_21	1	<i>L._cristula</i> 28-2
Hap_22	1	<i>L._cristula</i> 28-1
Hap_23	1	<i>L._cristula</i> 25-2
Hap_24	1	<i>L._cristula</i> 11-2
Hap_25	1	<i>L._chalybea</i> 28-1
Hap_26	1	<i>L._aculeata</i> 23-1
Hap_27	1	<i>L._aculeata</i> 70-1

Las secuencias obtenidas de especímenes previamente identificados por métodos morfológicos y corroborados por expertos, fueron comparadas con los demás haplotipos para hallar la correspondencia entre los mismos. Para los 22 especímenes identificados correspondientes a 7 especies, se encontraron 17 haplotipos. En las 14 secuencias obtenidas a partir de las 14 hembras se encontraron 9 haplotipos que correspondían a cuatro de las especies identificadas. No existe una relación directa entre los haplotipos y la localidad donde se colectaron los especímenes, lo cual se puede corroborar en la

Tabla 2-3 mostrando qué individuos de las localidades distantes se agrupan en el mismo haplotipo, como también individuos de la misma localidad.

2.3.2 Divergencia intraespecífica

La divergencia medida como distancia genética para los individuos previamente identificados por morfología como de una misma especie estuvo entre 0 y 2% con dos excepciones, *L._aculeata_70-1* que varió entre 0 y 5,4% y *L._aculeata_23-1* con una variación entre 0 y 6,5%.

Para las secuencias de *L. cristula* la divergencia osciló entre 0–0.5% siendo la especie con menor tasa de divergencia entre sus individuos con 9 individuos analizados con identificación previa por morfología. *L. curiosa* presentó una divergencia entre 0,3% y 0,5% para tres individuos analizados, *L. longicornis* presentó distancias que fluctuaron entre 0% y 0,8%, *L. striatifrons* presentó una divergencia de 0% entre sus dos individuos. Para *L. aculeata* la variación estuvo entre 2,2% y 6,5% siendo esta especie la de mayor divergencia y la que presenta valores que se solapan con la menor distancia entre especies (Ver anexo C).

Dentro de la familia Lonchaeidae no se cuenta con datos de referencia para comparar las distancias intraespecíficas de las muestras analizadas, sin embargo, se tomaron 26 secuencias del BOLD con fin de tener un dato cercano de la familia. Se realizó el barcoding gap para las secuencias de Bold obteniendo distancias intraespecíficas menores a 1% para 26 individuos analizados (Ver Anexo C) y distancias interespecíficas que oscilaron entre 6,4% y 15%. Estos valores se usaron como un indicativo. Los valores de distancias fueron similares para las secuencias y especies de Colombia.

2.3.3 Divergencia interespecífica

Las divergencias medidas como distancias genéticas para las secuencias obtenidas de 22 individuos con igual número de secuencias y separados por morfología en 7 especies, estuvieron entre 6.1 % (*L. cristula* – *L. striatifrons*) y 16.9% (*L. cristula* – *L. longicornis*) (Ver anexo C), valores superiores a los observados a nivel intraespecífico.

Así, usando las 22 secuencias que representan 7 especies, se comprobó la presencia de un "gap de código de barras", con una separación intraespecífica (entre 0,0 – 5.1%) y la variabilidad interespecífica (entre 6.1%-16.9%). Rango parecido al barcodig gap de las secuencias de Bold que osciló entre 0%-0,8% a nivel intraespecífico y entre 6,4%-15% entre las 11 especies analizadas.

Las distancias intra e interespecíficas de las secuencias obtenidas no se solaparon, sin embargo, como se ha observado en general para Diptera la brecha que las separa es pequeña.

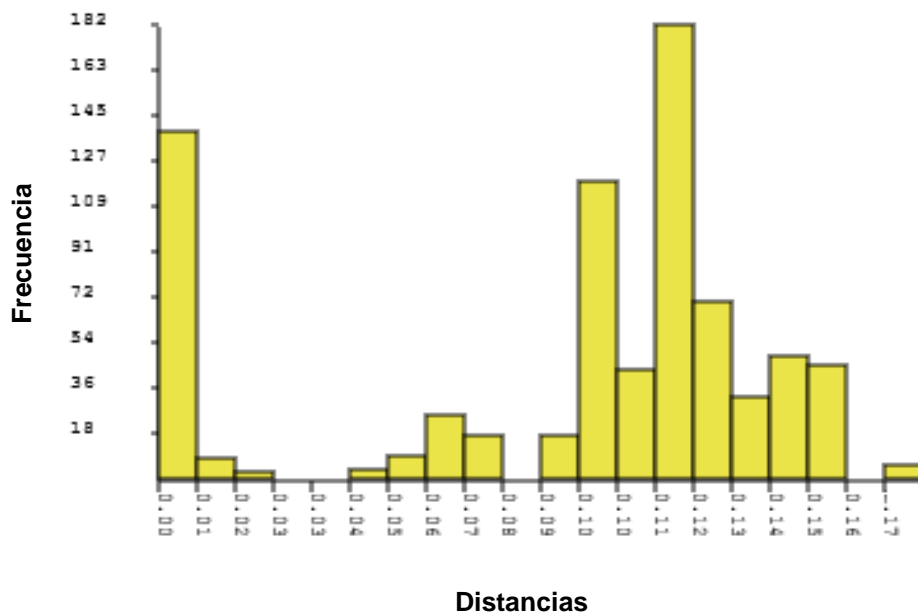


Figura 2-1: Distribución de frecuencias de divergencia genética intraespecífica e interespecífica de especímenes del género *Lonchaea* de Colombia (ABGD).

2.3.4 Asignación de identidad de las hembras y morfotipos sin asignación por morfología

- **Análisis NJ de las secuencias para el género *Lonchaea* con muestras del presente estudio**

El análisis de NJ (figura 2-2) confirmó la identidad de las 14 secuencias obtenidas de especímenes hembra al ubicarlas en los haplogrupos o M-OTUs correspondientes con base en sus haplotipos.

En el análisis por NJ (Fig.2-2) aparecen separadas cada una de las especies asignadas por morfología con haplogrupos con soporte bootstrap del 100%.

Las secuencias de las morfoespecies *L. sp 17-1* y *L. spGB 12-1* se ubicaron en el M-OTU 7 con un soporte del 100%. De acuerdo con la identificación inicial por morfología y a las distancias genéticas, se puede inferir que las hembras pertenecen a la especie *L. echinnapina*. Los resultados son semejantes a lo obtenido por morfología donde *L. cristula* y *L. striatifrons* exhiben similitud en la mayoría de caracteres, estas aparecen cercanas en el NJ. También ocurre esto entre *L. aculeata* y *L. longicornis* que presentan gran similitud morfológica.

Aunque el análisis separa las secuencias de *L. aculeata* en dos M-OTUs, después de verificar las variaciones encontradas en morfología y los caracteres con que fue descrita inicialmente la especie, se infiere que, en efecto, las secuencias 70-1 y 23-1 pueden pertenecer a otra especie o que puede existir un complejo de especies.

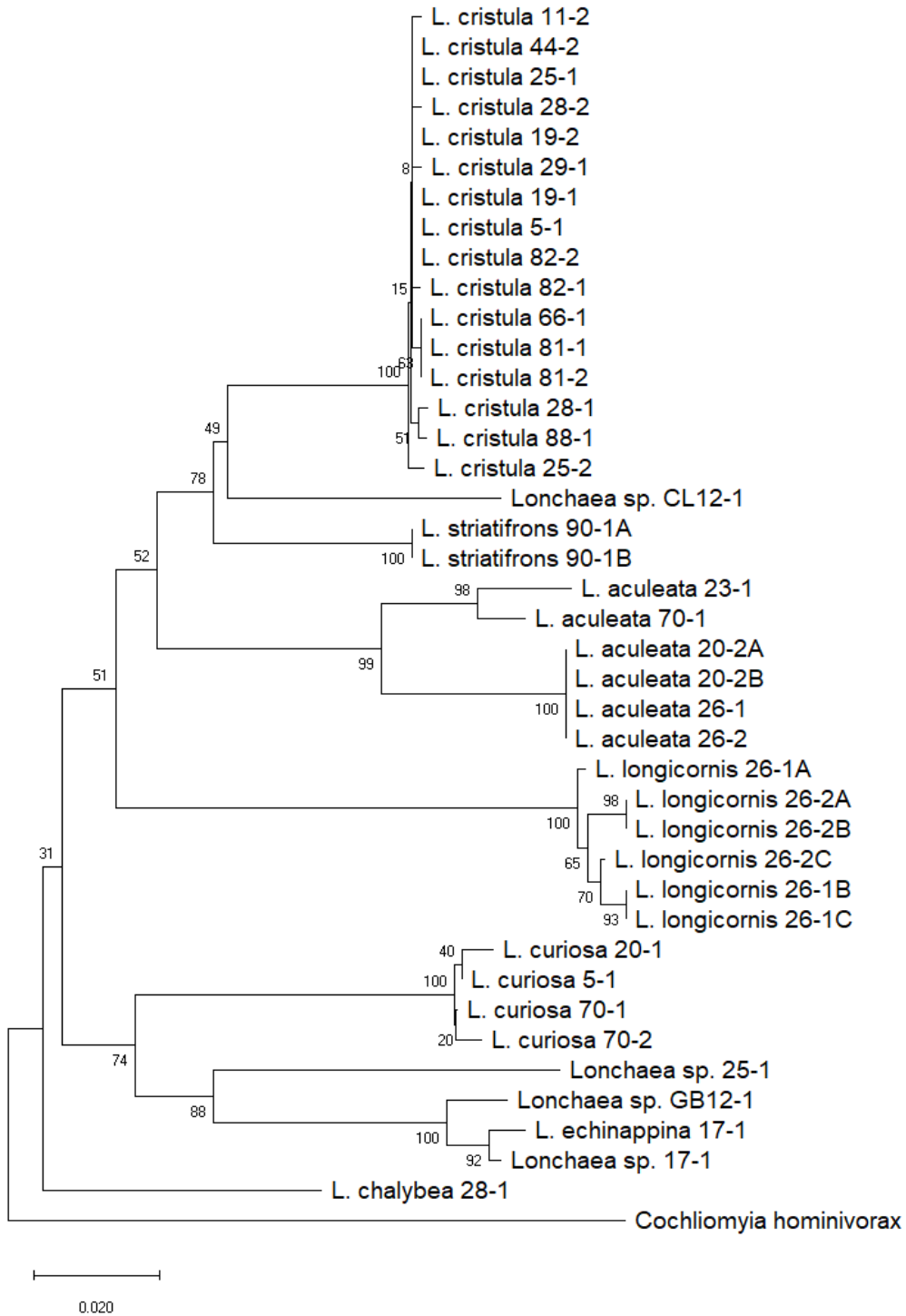


Figura 2-2: Dendrograma de NJ con el modelo K2P y bootstrapp de 10000 réplicas para las 40 secuencias obtenidas de individuos del género *Lonchaea*. El valor es mostrado para cada rama y su respectiva longitud interna.

- **Especies hipotéticas basadas en el Barcoding-gap**

El análisis a través del programa ABGD separó las 40 secuencias propias en 10 grupos o M-OTUs, entendiendo estas como agregaciones de secuencias unidas por algún índice de similitud (normalmente un corte de distancia predefinido) denotando que corresponden a una entidad biológica (Ver tabla 2-4).

Tabla 2-4: Distribución de los haplogrupos o M-OTUs obtenidos a través de ABGD (Results of the Automatic Barcode Gap Discovery).

M-OTUs	# de individuos	Composición
1	16	<i>L. cristula</i> 81-1 <i>L. cristula</i> 88-1 <i>L. cristula</i> 82-2 <i>L. cristula</i> 82-1 <i>L. cristula</i> 81-2 <i>L. cristula</i> 66-1 <i>L. cristula</i> 44-2 <i>L. cristula</i> 29-1 <i>L. cristula</i> 28-2 <i>L. cristula</i> 28-1 <i>L. cristula</i> 25-2 <i>L. cristula</i> 25-1 <i>L. cristula</i> 19-2 <i>L. cristula</i> 19-1 <i>L. cristula</i> 11-2 <i>L. cristula</i> 5-1
2	2	<i>L. striatifrons</i> 90-1B <i>L. striatifrons</i> 90-1A
3	3	<i>Lonchaea</i> sp. GB12-1 <i>Lonchaea</i> sp. 17-1 <i>L. echinappina</i> 17-1
4	1	<i>Lonchaea</i> sp. CL12-1
5	1	<i>Lonchaea</i> sp. 25-1
6	6	<i>L. longicornis</i> 26-2C <i>L. longicornis</i> 26-2B <i>L. longicornis</i> 26-2A <i>L. longicornis</i> 26-1C <i>L. longicornis</i> 26-1B <i>L. longicornis</i> 26-1A
7	4	<i>L. curiosa</i> 70-2 <i>L. curiosa</i> 70-1 <i>L. curiosa</i> 20-1 <i>L. curiosa</i> 5-1
8	4	<i>L. aculeata</i> 20-2B <i>L. aculeata</i> 20-2A <i>L. aculeata</i> 26-2 <i>L. aculeata</i> 26-1
9	1	<i>L. chalybea</i> 28-1
10	2	<i>L. aculeata</i> 23-1 <i>L. aculeata</i> 70-1

El número de grupos o M-OTUs, que equivale a las especies hipotéticas para este caso, no varió en la partición inicial realizada bajo los tres modelos (simple, JC y K2P), sugiriendo la existencia de 10 agrupaciones. Variando el porcentaje de divergencia hasta 5, el número M-OTUs no varía, solamente una de las secuencias se mueve a otro grupo. Los resultados sugieren la existencia de 10 M-OTUs para todas las particiones con el

modelo simple y de 10 con los modelos de JC Y K2P excepto cuando el porcentaje de divergencia es igual a 1; para este caso aumenta a 18. (Tabla 2-5).

Bajo el modelo de sustitución K2P se identificaron 8 potenciales “gaps” del código de barras. El total de secuencias se agrupó separando las especies que morfológicamente corresponden a una misma. Las 14 secuencias de hembras sin una determinación a nivel de especie por morfología quedaron separadas en 4 de los 10 M-OTUs correspondientes a las especies *L. cristula* (6), *L. curiosa* (2), *L. longicornis* (3) y *L. aculeata* (3); las genitalias de las hembras de las especies se encuentran en el anexo B. Las siete especies encontradas por morfología incluyeron a todos los machos analizados excepto *L. aculeata*, que como se analizó en las distancias intraespecíficas contenía dos individuos con una divergencia por encima del 5% y que posiblemente pertenecen a otra especie.

Tabla 2-5: Resultados del análisis ABGD (Results of the Automatic Barcode Gap Discovery).

Modelo de sustitución	X	Partición	Divergencia intraespecífica							
			0,001000	0,001668	0,002783	0,004642	0,007743	0,012915	0,021544	0,035938
Simple	1.0	Inicial	10	10	10	10	10	10	10	10
		Recursiva	10	10	10	10	10	10	10	10
JC	1.0	Inicial	18	10	10	10	10	10	10	10
		Recursiva	18	10	10	10	10	10	10	10
K2P	1.0	Inicial	10	10	10	10	10	10	10	10
		Recursiva	18	10	10	10	10	10	10	10

X, ancho relativo del “gap”; Simple, distancia p; JC69, modelo de sustitución Jukes-Cantor; K2P, modelo de sustitución Kimura 2-parametros

2.3.5 Análisis incluyendo secuencias de bases de datos

Usando 40 secuencias de las especies encontradas y 26 secuencias de 11 especies de la región paleártica y neártica extraídas del Bold System, Se obtuvo el dendograma correspondiente (Ver figura 2-3); el cual exhibe una bifurcación inicial donde una rama contiene a la mayoría de especies tropicales y la otra rama incluye especies de la región paleártica y neártica como también algunas especies tropicales. En el haplogrupo de las especies árticas se alinearon *L. curiosa*, *L. echinappina* y *L. chalybea*, estando esta última más cercana a las especies del grupo de especies tropicales. Lo anterior también corrobora lo encontrado por morfología donde se observa una gran similitud entre las especies *L. cristula*, *L. striatifrons*, *L. longicornis* y *L. aculeata*, que además son las especies de mayor ocurrencia en Colombia.

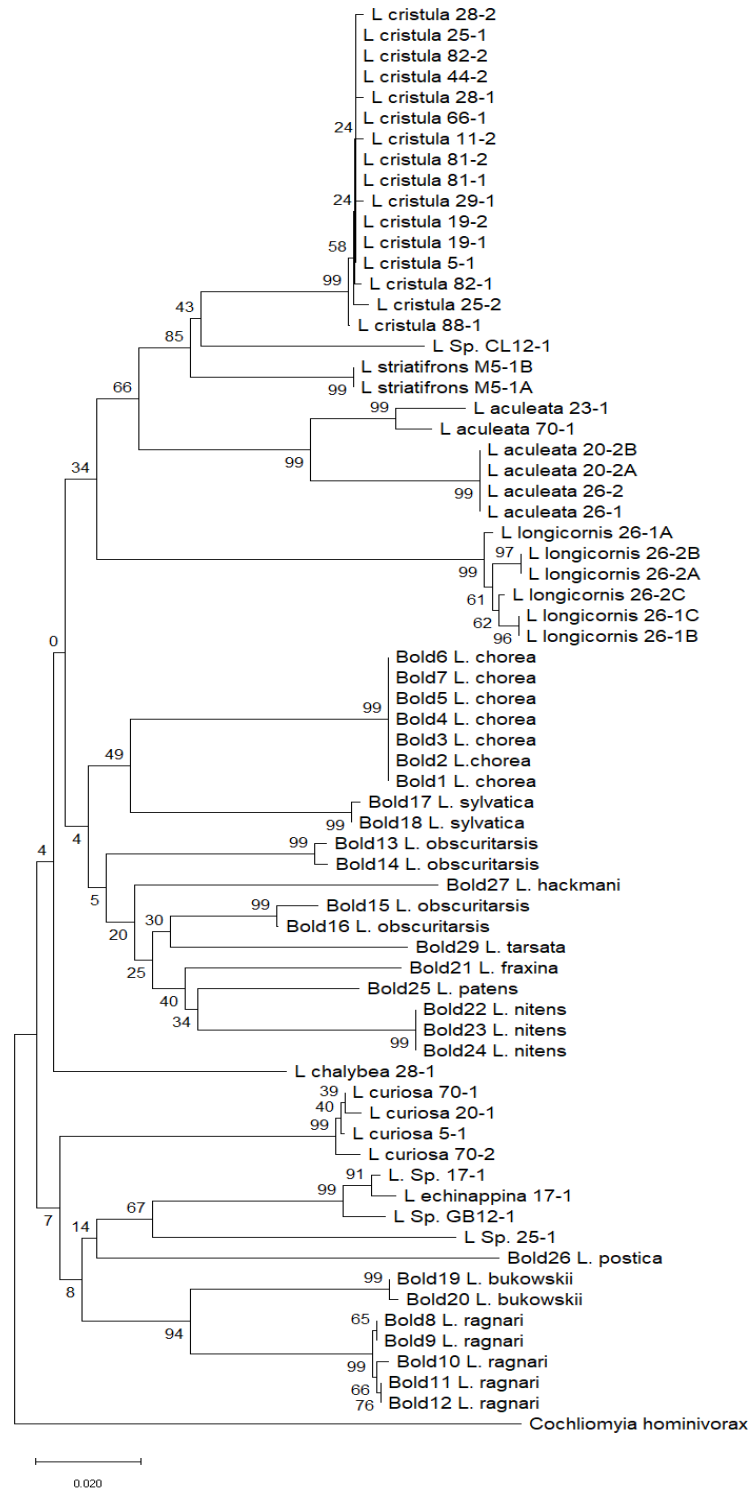


Figura 2-3: Dendrograma NJ con el modelo K2P y Bootstrap de 10000 réplicas para todas las secuencias obtenidas más 26 secuencias del género *Lonchaea* de las bases de datos. El valor es mostrado para cada rama y su respectiva longitud interna.

2.4 Discusión

En el presente estudio se comprobó la utilidad de la región código de barras de ADN: *cox1*, para asignar secuencias de hembras del género *Lonchaea* a haplogrupos con previa identificación por medio de morfología, como también de 2 de las 4 secuencias de morfotipos de machos sin identificación por morfología.

La metodología del código de barras se apoya en bases de datos del grupo de estudio con base en las cuales se puede comparar las secuencias de los especímenes de interés. Para la familia Lonchaeidae no se contaba antes de este con estudios de este tipo que permitan comparar los resultados, tampoco con secuencias del grupo para el trópico ni secuencias de las especies encontradas en este estudio; por esto se tomaron secuencias de BOLD del género *Lonchaea* con el fin de obtener datos de referencia. El presente estudio es pionero al explorar la complementariedad del código de barras de ADN y la morfología para un grupo de moscas que no cuenta con secuencias de la zona tropical en las bases de datos.

La composición nucleotídica para las secuencias propias y las de BOLD fue muy similar como era de esperarse al pertenecer al mismo género. Los valores oscilaron en 67% de contenidos de adenina y timina, y 33% en los valores de guanina y citosina. Valores altos en A+T se han observado en otros grupos cercanos Smith-Caldas et al. (2001); Han & Ro, (2016), Kumpron & Pramual, (2019) y otros grupos de Diptera Contreras *et al.*, (2014); Posada, (2016); Lunt *et al.* (1996); Crease, (1999); Hoy, (2006).

No se evidenciaron NUMTs (nuclear mitochondrial pseudogenes) en las secuencias analizadas (Garesse, 1988). Tampoco se observaron codones de parada en ninguna de las secuencias cuando se realizaron traducciones de las secuencias en el programa Mega X, lo que sugiere la operatividad de este gen mitocondrial en este caso y que no existen copias de secuencias mitocondriales que provienen del genoma nuclear que

puedan generar ambigüedades (Zhang y Hewitt, 1996) en el análisis e interpretación de los datos.

Hébert *et al.* (2003) señalaron que la divergencia de secuencias de códigos de barras de ADN entre la mayoría de las especies congéneres es generalmente superior al 2% y la variación intraespecífica suele ser inferior al 1%. Estas distancias nunca deben superponerse ni solaparse, y es lo que se conoce como el “gap” del DNA-Barcoding. Sin embargo, la mayoría de los estudios de Diptera muestran valores por fuera de estos rangos. De acuerdo con lo anterior Meier (2006) realizó una metodología para el orden Diptera con el fin de identificar especies con la metodología del “barcoding gap” reduciendo los problemas generados por el solapamiento de las distancias intra y entre especies.

Tomando como referencia el barcoding gap de las secuencias de Bold que osciló entre 0%-0,8% a nivel intraespecífico y 6,4%-15% se analizaron las especies colectadas obteniendo los siguientes resultados: 4 de las especies identificadas que equivale a 28 de las 40 secuencias presentan una divergencia máxima por debajo de 1%, valor sugerido por Hebert, (2003) para el código de barras. Sin embargo, para Diptera se ha observado que para muchos grupos no se cumple con esta regla. Por ejemplo, en dípteros de grupos cercanos filogenéticamente (Han & Ro, 2016; Barr *et al.*, 2018; Kunprom & Pramual, 2019) se ha encontrado valores de divergencia que van de 0 a 10.3%, evidenciando que para especies donde se solapan las distancias o no existe una brecha del código de barras, no se puede hacer una inferencia correcta de la identidad del individuo o la asignación al M-OTU indicado.

La especie con valores más consistentes en cuanto al “barcoding gap” fue *L. cristula*, cuyas distancias intraespecíficas fueron menores al 1% y las interespecíficas entre 6% y 17% dentro de 16 secuencias analizadas, presentado una brecha del código de barras amplia que evidencia la aptitud de este método para separación de especies o asignación de individuos al M-OTU de esta especie. Las distancias dentro de la especie

no varían de acuerdo con la distribución geográfica, ya que los haplotipos de diferentes localidades presentan la misma distancia que aquellos colectados en el mismo sitio.

Para *L. longicornis* y *L. curiosa* las distancias intraespecíficas igual que en *L. cristula* fueron menores a 1%, sin embargo, las distancias respecto a las demás especies presentan un rango más alto (10%-17%) mostrando un gap mucho más alto que las demás especies, lo cual sugiere que el código de barras puede ser una herramienta útil para separar individuos de las dos especies.

En general, los resultados obtenidos muestran que los rangos de divergencia de las 40 secuencias solo se solapan en un caso donde la secuencia LAC23-1 presenta una divergencia intraespecífica de 6,5% que es mayor 6,1% encontrado entre especies; un segundo caso presenta una divergencia de 5,4% correspondiente a la secuencia LAC70-1. Las dos secuencias anteriores se agrupan en el mismo MOTU y de acuerdo con la revisión de caracteres morfológicos puede tratarse de una nueva especie cercana a *Lonchaea aculeata*.

Basados en la metodología inicial del código de barras la variación interespecífica observada constituye una especie diferente a las encontradas a través de morfología. Sin embargo, al analizar las distancias pareadas todas las secuencias del M-OTU de *L. aculeata* presentan distancias mayores al 10% respecto a las demás especies, además, las especies de cada par son morfológicamente distintas y todas estas especies se resolvieron como monofiléticas en el árbol de NJ. De acuerdo con lo anterior acogemos la hipótesis de Buenaventura *et al.*, (2018) sobre una divergencia reciente y la falta de diferenciación molecular entre ellas.

Otra alternativa es seguir la metodología de Mier, (2006) donde todas las secuencias que presentaran una divergencia intraespecífica mayor al 5% y una divergencia interespecífica menor al 5% se excluyeron de los análisis finales para evitar errores en la determinación de especies. La exclusión de las secuencias con distancias es una buena herramienta para evitar falsos positivos, sin embargo, cuando se tienen pocas secuencias de una especie es complejo tomar esta decisión.

Cuando se realiza el análisis NJ todas las secuencias de *L. aculeata* se agrupan en el mismo M-OTU con un soporte Bootstrap del 100%, también es importante resaltar que la especie respecto a las demás posee distancias mayores al 10% y la distancia interespecífica que se solapa con la intraespecie de dicha topología pertenece a otras unidades taxonómicas. Para *L. aculeata* los machos de los cuales se obtuvieron las secuencias fueron corroborados por el experto del grupo, aunque se encontraron algunas diferencias morfológicas lo cual puede tratarse de plasticidad fenotípica o de un complejo de especies con similitud en la genitalia y variaciones en otras estructuras. Davis & Nixon, (1992) consideran que la delimitación de las especies requiere de un adecuado muestreo, capaz de poner en evidencia la variación local y las conclusiones con respecto a la separación entre poblaciones y grupos de poblaciones. Para este caso la poca cantidad de individuos no permitió realizar inferencias de mayor rango en cuanto a la morfología; por lo tanto, es necesario realizar un inventario amplio de esta especie con el fin de realizar un análisis más profundo, además de evaluar estructuración genética asociada con la geografía, plantas hospedadoras u otros factores.

En el caso de complejos de varias especies afines o de especies ampliamente distribuidas y con gran variación intra e interpoblacional, es conveniente emplear marcadores nucleares además del COI, que permitan investigar eventos de introgresión, hibridación y especiación incompleta. Los marcadores mitocondriales son insuficientes para este tipo de estudios, pues evidencian sólo la mitad de la historia evolutiva de la especie ya que se heredan uniparentalmente por vía materna (Lanteri & Confalonieri, 2003).

Dentro de las secuencias de morfotipos sin identificación a nivel de especie, dos presentaron distancias menores al 1% respecto a la secuencia previamente identificada de *L. echinnapina*; al analizar los diferentes datos y realizar el análisis por NJ se concluyó que pertenecen a la misma especie. Es importante mencionar que los dendogramas obtenidos, en ningún caso soportan hipótesis filogenéticas, sólo proporcionan una ayuda visual, para observar las similitudes entre secuencias, también se obtuvieron dendogramas incluyendo secuencias reportadas en el BOLD

Bergsten y colaboradores (2012) sugieren que la divergencia genética debe ser menor entre especies cercanas morfológicamente que entre especies cercanas geográficamente, esto se ve claramente entre las especies *L. cristula* y *L. striatifrons* las cuales comparten una gran similitud morfológica y de igual manera se ve reflejado en las distancias genéticas, que es la menor entre las especies encontradas.

El presente estudio no contó con suficientes datos para calcular la divergencia intraespecífica en todas las especies. Contar con suficiente material mitiga los efectos que puedan generarse por factores geográficos y el flujo de genes. Aun teniendo más de un representante por especie esta variabilidad se puede subestimar si no se incluyen individuos de varias localidades. El código de barras ha sido eficaz en el desenmascaramiento de especies y en la resolución de problemas en la asignación de especies (Hebert, 2004). Sin embargo, la aplicabilidad todavía no se puede extrapolar a todo tipo de organismos. Por ejemplo, Moritz (2004) aseguró que el verdadero desafío radica en los taxones tropicales y aquellos con una dispersión limitada y, por lo tanto, una estructura filogeográfica sustancial. Dichos análisis deben ser taxonómicamente amplios y deben extenderse más allá de la región geográfica focal para asegurar que los taxones hermanos potenciales sean evaluados y puedan ser discriminados. También existe la necesidad de examinar grupos con hibridación frecuente (posiblemente críptica), radiaciones recientes y altas tasas de transferencia de genes desde el mtDNA al núcleo.

El dendograma de las secuencias obtenidas muestra una clara separación de las especies formando diez M-OTUs con suficiente soporte y se refleja el nivel de variación con base en las distancias genéticas. Estos resultados soportan las identidades obtenidas según criterios morfológicos. Las agrupaciones de haplotipos representan las Molecular Operational Taxonomic Units (M-OTUs) permitiendo la diferenciación especie-específica, según lo establecido por Hebert et al. (2003), validando la consistencia y la utilidad de la secuencia código de barra *cox1* para asignar individuos a los grupos que corresponden a las especies del género *Lonchaea* previamente identificados y corroborados por expertos basados en caracteres morfológicos. Los nodos principales

(es decir, agrupación intraespecífica) en el dendrograma, están generalmente soportados por un alto valor de bootstrap. Los haplotipos de una especie formaron grupos de código de barras claramente distinguidas de las especies afines. Al tener especies con un solo individuo y morfotipos, aquellas unidades que presentaron distancias bajas respecto a otros se agruparon en el mismo grupo mientras que las unidades de una especie sin diferencia morfológica y que presentó grandes distancias respecto a las demás no se agruparon con ninguna otra especie (Figura 2-2).

El estudio además de permitir realizar asociaciones con base en las agrupaciones que no fueron posibles con base en morfología entre machos previamente identificados y hembras de difícil asociación específica por métodos clásicos; permitió verificar la validez de las identidades de los individuos a los cuales no se le había asignado un taxón específico a través de la morfología, corroborando la importancia del código de barras como complemento a la taxonomía clásica. Las 14 secuencias de hembras del género que no pudieron ser identificadas por morfología se unieron perfectamente a 4 de los M-OTUs encontrados de las especies *L. cristula*, *L. aculeata*, *L. curiosa* y *L. longicornis* con un soporte bootstrap de 100%.

Las especies encontradas no cuentan con secuencias en las bases de datos, por lo que el presente estudio se muestra como un aporte importante a la taxonomía del grupo. Cuando se incluyeron las secuencias de BOLD al análisis por NJ se observaron datos interesantes, por ejemplo, existe una clara separación entre las especies tropicales y las de origen neártico y paleártico, evidenciando que el origen geográfico ha modificado las características de las especies del género, lo anterior también se soporta en los datos de distancias para todos los individuos analizados en conjunto. Cabe añadir que en el dendrograma obtenido algunas de las especies tropicales tienen más cercanía con las neárticas que con las demás obtenidas del trópico como es el caso de *L. curiosa* y *L. echinnapina* (Ver Figura 2-3).

Antecedentes de trabajos del género *Lonchaea* para Colombia no se registran hasta el momento y en general para la familia son escasos. Como se denota en la reseña para el país los reportes fueron hechos por expertos de otros países que en algún momento tomaron una muestra y la clasificaron. Especies como *L. curiosa* son colectadas con frecuencia en trampas en los agroecosistemas como se corrobora en los especímenes utilizados para su descripción; lo mismo sucede con *L. cristula* y *L. longicornis*, que ha sido reportada como plaga, sin embargo, es controversial el efecto negativo que pueden causar sobre cultivos de pasifloras y pitahaya respectivamente. Los reportes que asocian a este grupo a una plaga agrícola normalmente se dan por la falta de herramientas para identificación de especies del grupo, además del insípido trabajo de taxonomía que se realiza en los trabajos donde asocian especímenes del género *Lonchaea*. La información molecular del género es bastante pobre y muchas de las secuencias depositadas en las bases de datos especializadas no cuentan con una determinación a nivel de especies porque en la mayoría de los casos en las colecciones alrededor del mundo, por el poco trabajo en el grupo y la falta de taxónomos especializados en el mismo solo se alcanza a clasificar a nivel de género. De acuerdo a los estudios los lonchaeidos son el clado más basal de la superfamilia Tephritoidea, grupo al cual pertenecen algunas de las plagas más importantes para la agricultura. Solo con una taxonomía fuerte y un marco filogenético sólido se podrán hacer predicciones precisas de las características de la historia de vida de las especies de este grupo, cuya biología es desconocida, además de obtener un derrotero que evalúe su potencial daño a la agricultura. Esto solamente se puede lograr con inventarios taxonómicos amplios del grupo, así como la unificación de los caracteres usados para identificación de especies y claves que abarquen la diversidad del género en las diferentes subregiones con el fin de corroborar si existen errores tales como sinonimias o especies cripticas.

El objetivo principal del uso del código de barras en este estudio era hallar la correspondencia morfología-molecular de los individuos seleccionados, por ello la distribución geográfica que se presenta es reducida. Sin embargo, ante la poca o nula información de las especies del género *Lonchaea* en la región, la tarea para el futuro será surtir las bases de datos con más información sobre el género y la familia que permita usar el código de barras de manera rutinaria en la identificación de especies de este grupo de insectos. Estudios adicionales son requeridos para avanzar en la identificación

de las especies de la familia Lonchaeidae sobre todo aquellos relacionados con la biología y aspectos ecológicos.

Ante la evidente variabilidad de especies como *L. aculeata* y ante el poco conocimiento general del género, se precisa el uso de diferentes herramientas para una adecuada identificación o descripción de especies. El estudio en general encontró que varias especies requieren una redescrición ante su amplia distribución geográfica y bajo número de especímenes utilizados en su descripción.

3. Conclusiones y recomendaciones

3.1 Conclusiones

El presente estudio a través de los resultados obtenidos es un aporte al conocimiento de la familia Lonchaeidae tanto en Colombia como también para región tropical. Se presenta la identidad de 15 especies de la familia colectados en 14 municipios con 42 localidades en cultivos de pasifloras en el departamento de Antioquia.

Se logró determinar la presencia de dos morfotipos pertenecientes al género *Lonchaea* a los cuales no se logró asignar a ninguna especie por morfología ni por molecular. El proceso de descripción se encuentra en curso y está determinado en parte por la disponibilidad de especímenes, ya que no se deben describir nuevas especies a partir de un solo espécimen.

Del total de especímenes estudiados el 35% y 36 % corresponden a *Lonchaea cristula*, y *Dasiops gracilis* respectivamente, siendo las especies más comunes en el presente estudio.

Entre las especies colectadas *Dasiops inedulis* y *Dasiops gracilis* fueron encontradas ocasionando un daño primario a la planta hospedadora, mientras que *Neosilba batesi* se halló causando un daño secundario en frutos con alto grado de descomposición.

Se presenta un nuevo registro para Colombia de especie *Lonchaea chalybea*, esta especie ha sido asociada con daños en plantas de yuca. Se actualizan los datos de distribución de las 15 especies encontradas y se registran por primera vez en el departamento de Antioquia las especies *D. caustoniae*, *N. distospinosa*, *L. cristula*, *L. curiosa*, *L. aculeata*, *L. chalybea*, *L. striatifrons*, *L. echinnapina* y *L. longicornis*.

A través del uso de la metodología del código de barras se logró conferir la secuencia correspondiente a 36 individuos distribuidos en 7 especies del género *Lonchaea*. Todas las secuencias obtenidas pertenecen a especies que no contaban con datos en las bases de datos. Esto contribuye a ampliar la librería genética de esta secuencia para este grupo de insectos y evaluar la consistencia de esta como marcador como herramienta para la identificación de especies. También permitió la asignación de secuencias de 14 hembras sin identidad a nivel específico a M-OTUs con especies identificadas por morfología y corroboradas por expertos.

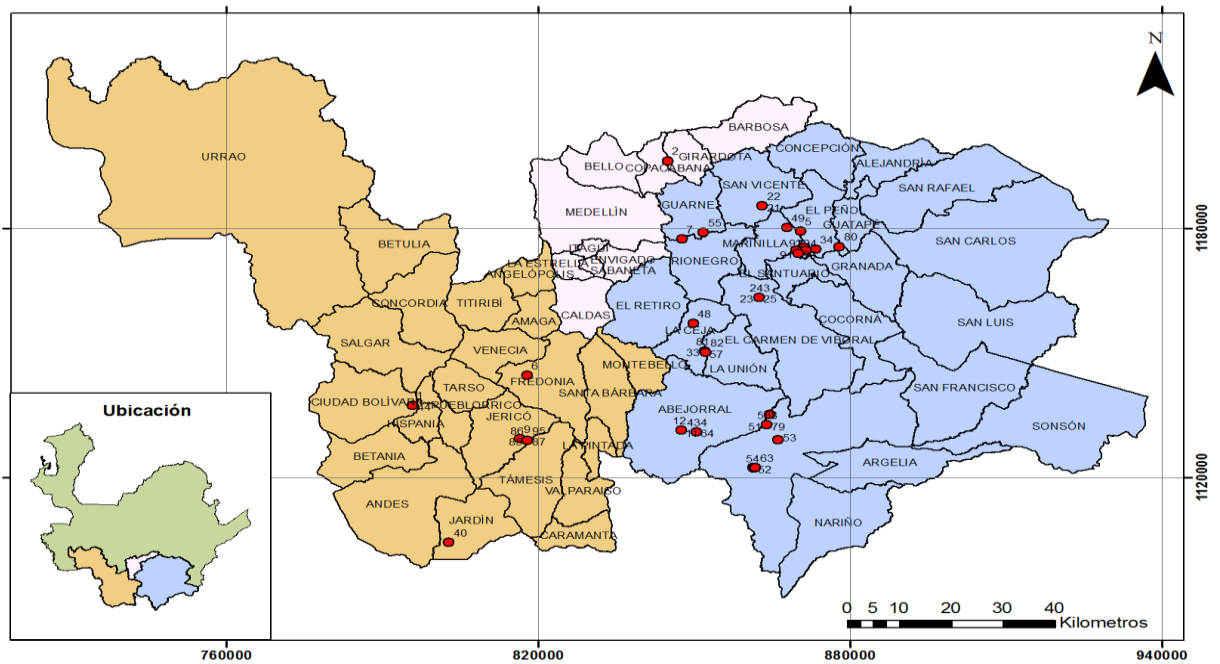
3.2 Recomendaciones

- Es indispensable avanzar en la descripción de las especies tropicales de la familia Lonchaeidae incluyendo la secuenciación de los especímenes, solo así se podrá tener certeza de la filogenia y otros niveles de estudio del grupo.
- Nuestro estudio se basó en colectas con trampas alimenticias, sin embargo, los insectos colectados en la zona paleártica y neártica se han realiza con trampas de intersección; por lo tanto, para ampliar el espectro de especies de la familia se requieren estudios que involucren variedad de métodos de colecta.
- Se requieren esfuerzos de las entidades de investigación y entes gubernamentales que incentiven la investigación en estos grupos que no producen altos impactos en las actividades antrópicas, pero que sin embargo juegan un papel importante en los ecosistemas y que muchas veces son casi desconocidos para la ciencia.
- Finalmente, resaltamos la necesidad de la aplicación de una taxonomía integrativa en la identificación de especies, especialmente en este caso para la especie *L. aculeata* que presentó distancias genéticas intraespecíficas que se solapan con las distancias entre especies, pero al realizar un análisis profundo se observó que posiblemente ésta especie puede poseer una gran diversidad y que

los datos de distancia no se deben exactamente a un proceso de especiación. La experiencia de este estudio nos dice que estos problemas se deben evaluar caso a caso ya que la generalización puede conllevar a resultados erróneos.

A. Sistema de vigilancia de moscas de la fruta del ICA en predios productores de pasifloras del departamento de Antioquia

Sitios de muestreo de Lonchaidae en núcleos productivos de pasifloras en el departamento de Antioquia.



B. Genitalias de las hembras corroboradas por morfología y molecular

L. cristula



L. aculeata



L. longicornis



L. curiosa



C. Distancias genéticas

Distancias genéticas K2P entre secuencias parciales del gen COI de especímenes del género *Lonchaea* colectados en este estudio.

ID	SECUENCIA	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
LCR88-1																							
LCR82-1		0,00																					
LCR81-1		0,00	0,00																				
LCR66-1		0,00	0,00	0,00																			
LCR29-1		0,00	0,00	0,00	0,00																		
LCR28-1		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																	
LCR25-1		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																
LCR19-1		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00															
LCR5-1		0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00														
LAC23-1		0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11													
LAC70-1		0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,02												
LAC26-1		0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,06	0,05											
LLO26-1C		0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,16	0,15	0,17										
LLO26-1B		0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,16	0,15	0,17	0,00									
LLO26-1A		0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,13	0,12	0,12	0,12	0,15	0,14	0,16	0,01	0,01								
LCU5-1		0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,14	0,13	0,15	0,15	0,15	0,14							
LCU20-1		0,12	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,15	0,14	0,15	0,16	0,16	0,15	0,00						
LCU70-1		0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,14	0,13	0,15	0,16	0,16	0,15	0,00	0,00					
LST90-1A		0,07	0,07	0,06	0,06	0,07	0,07	0,06	0,06	0,06	0,11	0,11	0,11	0,12	0,12	0,11	0,10	0,11	0,10				
LST90-1B		0,07	0,07	0,06	0,06	0,07	0,07	0,06	0,06	0,06	0,11	0,11	0,11	0,12	0,12	0,11	0,10	0,11	0,10	0,00			
LCH28-1		0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,11	0,10	0,10	0,10	0,11	0,11	0,12	0,14	0,14	0,13	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11		
LEC17-1		0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,14	0,14	0,16	0,16	0,16	0,16	0,11	0,11	0,11	0,12	0,12	0,12	

Distancias genéticas K2P entre secuencias parciales del gen COI de especímenes del género *Lonchaea* descargadas de BOLD.

ID SECUENCIA	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	26
BARSJ166-16																										
BARSJ166-16(2)	0,00																									
CNRME1151-12	0,00	0,00																								
NSMTP064-15	0,00	0,00	0,00																							
NSMTP065-15	0,00	0,00	0,00	0,00																						
NSMTP063-15	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																					
BARSL460-16	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00																				
BBDCQ364-10	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14																			
BBDCQ364-10	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,00																		
NSMTP079-15	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,00	0,00																	
BBDEE011-10	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,00	0,00	0,00																
BBDEE011-10	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,14	0,00	0,00	0,00	0,00															
NSMTP074-15	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,11	0,11															
NSMTP075-15	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10														
NSMTP042-15	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,13	0,13	0,12	0,12	0,12	0,09													
NSMTP043-15	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,09	0,08												
GMFIG491-12	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,07	0,07	0,07	0,07	0,07	0,12	0,11	0,12											
NSMTP062-15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,15	0,08	0,08	0,07	0,07	0,07	0,12	0,11	0,12	0,12										
NSMTP069-15	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,08	0,07	0,11	0,11	0,12									
NSMTP071-15	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,12	0,12	0,13	0,13	0,13	0,08	0,07	0,10	0,10	0,13	0,13								
NSMTP072-15	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,12	0,12	0,13	0,13	0,13	0,08	0,07	0,10	0,10	0,13	0,13	0,09							
NSMTP073-15	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09	0,12	0,12	0,13	0,13	0,13	0,08	0,07	0,10	0,10	0,13	0,13	0,09	0,00						
NSMTP077-15	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,11	0,07	0,06	0,10	0,10	0,12	0,13	0,07	0,07	0,07					
GMGMC834-14	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,12	0,13	0,13	0,15	0,15	0,12	0,14	0,14	0,14					
NSMTP070-15	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,13	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,10	0,09	0,13	0,12	0,13	0,13	0,11	0,10	0,10	0,10	0,10			
NSMTP041-15	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,12	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,07	0,06	0,11	0,11	0,12	0,12	0,10	0,09	0,09	0,09	0,08	0,10	0,11	

Bibliografía

Altschul, S. F. (2005). BLAST Algorithm. *Encyclopedia of Life Sciences*, 1–4.

<https://doi.org/10.1038/npg.els.0005253>

Armenteras, D., Gast, F., & Villareal, H. (2003). Andean forest fragmentation and the representativeness of protected natural areas in the eastern Andes, Colombia.

Biological Conservation, 113(2), 245-256. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(02\)00359-2](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(02)00359-2)

Avice, J. C. (2000). Cladists in Wonderland. *Evolution*, 54(5), 1828–1832.

<https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2000.tb00728.x>

Barr, N. B., Islam, M. S., De Meyer, M., & McPheron, B. A. (2012). Molecular identification of *Ceratitis capitata* (Diptera: Tephritidae) using DNA sequences of the COI barcode region. *Annals of the Entomological Society of America*, 105(2), 339–350.

<https://doi.org/10.1603/AN11100>

Barrett, R. D. H., & Hebert, P. D. N. (2005). Identifying spiders through DNA barcodes.

Canadian Journal of Zoology, 83(3), 481–491. <https://doi.org/10.1139/z05-024>

Bergsten, J., Bilton, D. T., Fujisawa, T., Elliott, M., Monaghan, M. T., Balke, M., Hendrich, L., Geijer, J., Herrmann, J., Foster, G. N., Ribera, I., Nilsson, A. N., Barraclough, T. G., & Vogler, A. P. (2012). The effect of geographical scale of sampling on DNA barcoding. *Systematic Biology*, 61(5), 851–869.

<https://doi.org/10.1093/sysbio/sys037>

- Blacket, Mark J. & Malipatil, Mallik B., 2010, Redescrición de la mosca australiana del tomate verde metálico, *Lamprolonchaea brouniana* (Bezzi) (Diptera: Lonchaeidae), con notas sobre la fauna australiana de *Lamprolonchaea*, *Zootaxa* 2670, págs. 31- 51: 34-47
- Buenaventura, E., Valverde-Castro, C., Wolff, M., Triana-Chávez, O., & Gómez-Palacio, A. (2018). DNA barcoding for identifying synanthropic flesh flies (Diptera, Sarcophagidae) of Colombia. *Acta Tropica*, 182, 291–297.
<https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2018.01.020>
- Caldas, M. A. R. B. S. M., Heron, B. R. A. M. C. P., Ilva, J. A. G. S., & Ucchi, R. O. A. Z. (2001). Systematics, Morphology and Physiology Phylogenetic Relationships Among Species of the fraterculus Group (*Anastrepha*: Diptera: Tephritidae) Inferred from DNA Sequences of Mitochondrial Cytochrome Oxidase I. *Neotropical Entomology*, 30(Zucchi 2000), 565–573.
- Castro Ávila, A. P. (2012). *Dasiops* Rondani (Diptera: Lonchaeidae) asociadas a pasifloras cultivadas en Colombia.
<http://bdigital.unal.edu.co/7588/1/790724.2012.pdf>
<http://www.bdigital.unal.edu.co/7588/>
- Castro-Ávila, Á. P., Korytkowski, C., Ebratt-Ravelo, E. E., Santamaría-Galindo, M. Y., & Margarita-Brochero, H. L. (2012). New Records of *Dasiops* spp (Diptera: Lonchaeidae) Associated with Pasiflora Grown in Colombia. *Revista Facultad Nacional de Agronomía-Medellín*, 6687–6696.
- Chacon, P. (1984). Entomofauna asociada a *Passiflora mollissima*, *P. edulis*, *P. flavicarpa* y *P. quadrangularis* en el departamento del Valle del Cauca. *Turrialba* 34: 297-311.
- Confalonieri, A. L. V. A. (1987). Filogeografía: Objetivos, Métodos y Ejemplos.
- CONSEJO NACIONAL DE POLÍTICA ECONÓMICA Y SOCIAL (CONPES). 2008. Política nacional fitosanitaria y de inocuidad para las cadenas de frutas y de otros

- vegetales. Departamento Nacional de Planeación. Colombia.
- Courtney, G. W., Pape, T., Skevington, J. H., & Sinclair, B. J. (2009). Biodiversity of Diptera. En *Insect Biodiversity: Science and Society*.
<https://doi.org/10.1002/9781444308211.ch9>
- Crease, T. J. (1999). The complete sequence of the mitochondrial genome of *Daphnia pulex* (Cladocera: Crustacea). *Gene*, 233(1-2), 89–99.
[https://doi.org/10.1016/S0378-1119\(99\)00151-1](https://doi.org/10.1016/S0378-1119(99)00151-1)
- Da Silva, F. F., Meirelles, R. N., Redaelli, L. R., & Dal Soglio, F. K. (2006). Diversity of flies (Diptera: Tephritidae and Lonchaeidae) in organic citrus orchards in the Vale do Rio Cai, Rio Grande do Sul, southern Brazil. *Neotropical Entomology*, 35(5), 666–670. <https://doi.org/S1519-566X2006000500015> [pii]
- Davis, J. I., & Nixon, K. C. (1992). Populations, Genetic Variation, and the Delimitation of Phylogenetic Species. *Systematic Biology*, 41(4), 421.
<https://doi.org/10.2307/2992584>
- Edgar, R. C. (2004). MUSCLE: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. *Nucleic Acids Research*, 32(5), 1792–1797.
<https://doi.org/10.1093/nar/gkh340>
- Fernandes JM, Couri MS. FAMILY LONCHAEIDAE. *Zootaxa*. 2016 Jun 14;4122(1):566-75. Doi: 10.11646/zootaxa.4122.1.45. PMID: 27395293.
- Floyd, R., Abebe, E., Papert, A., & Blaxter, M. (2002). Molecular barcodes for soil nematode identification. *Molecular Ecology*, 11(4), 839–850.
<https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2002.01485.x>
- Galeano-Olaya, P. E., & Canal, N. A. (2012). New species of *Neosilba* McAlpine (Diptera: Lonchaeidae) and new records from Colombia. *Papéis Avulsos de Zoologia*, 52(31), 361-385. <https://doi.org/10.1590/s0031-10492012021100001>

- Garesse, R. (1988). *Drosophila melanogaster* mitochondrial DNA: Gene organization and evolutionary considerations. *Genetics*, 118(4), 649–663.
- Gutiérrez, M. A. C., Vivero, R. J., Vélez, I. D., Porter, C. H., & Uribe, S. (2014). DNA barcoding for the identification of sand fly species (Diptera, Psychodidae, Phlebotominae) in Colombia. *PLoS ONE*, 9(1).
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0085496>
- Han, H. Y., & Ro, K. E. (2016). Molecular phylogeny of the superfamily Tephritoidea (Insecta: Diptera) reanalysed based on expanded taxon sampling and sequence data. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 54(4), 276–288. <https://doi.org/10.1111/jzs.12139>
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings. Biological Sciences*, 270(1512), 313-321. PubMed. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Hebert, P. D. N., Ratnasingham, S., & DeWaard, J. R. (2003). Barcoding animal life: Cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(SUPPL. 1).
<https://doi.org/10.1098/rsbl.2003.0025>
- Hoy, M. A. (2003). DNA, Gene Structure, and DNA Replication. En *Insect Molecular Genetics*. <https://doi.org/10.1016/b978-012357031-4/50020-0>
- Felsenstein, J. (1985). Confidence Limits on Phylogenies: An Approach Using the Bootstrap Author (s): Joseph Felsenstein Stable URL:
<http://www.jstor.org/stable/2408678>. *Evolution*, 39(4), 783–791.
- Janzen, D., Hallwachs, W., Blandin, P., Burns, J., Cadiou, J.-M., Chacon, I., Dapkey, T., Deans, A., Epstein, M., Espinoza, B., Franclemont, J., Haber, W., Hajibabaei, M., Hall, J., Hebert, P., Gauld, I., Harvey, D., Hausmann, A., Kitching, I., & Wilson, J. (2009). Integration of DNA barcoding into an ongoing inventory of complex tropical

- biodiversity. *Molecular Ecology Resources*, 9, 1–26. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02628.x>
- Kerr, K. C. R., Stoeckle, M. Y., Dove, C. J., Weigt, L. A., Francis, C. M., & Hebert, P. D. N. (2007). Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular Ecology Notes*, 7(4), 535-543. PubMed. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01670.x>
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2), 111–120. <https://doi.org/10.1007/BF01731581>
- Korneyev, V. A. (1999b). Phylogenetic relationships among the families of the superfamily Tephritoidea. *Fruit Flies (Tephritidae): Phylogeny and Evolution of Behavior*, January 2000, 3-22. <https://doi.org/10.1201/9781420074468.sec1>
- Korytkowski, C. A., & Ojeda, D. (1971). Revisión De Las Especies De La Familia Lonchaeidae En El Perú (Diptera: Acalyptratae). *Revista Peruana de Entomología*, 14(1), 87-116. <https://doi.org/10.1017/CBO9781107415324.004>
- Korytkowski, C., & Norrbom, A. (2010). Manual of Central American Diptera II. En *Manual of Central American Diptera II* (Vol. 2, pp. 857-863). NRC Research Press. <https://doi.org/doi:10.1139/9780660199580>
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Kunprom, C., & Pramual, P. (2019). DNA barcoding of fruit flies (Diptera: Tephritidae) in Thailand: Ambiguity, misidentification and cryptic diversity. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 30(8), 861–873. <https://doi.org/10.1080/24701394.2019.1693550>

- Lanteri, A. (2007). Código de barras del ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la Entomología. *Revista de la Sociedad Entomológica Argentina*, 66, 15-25.
- Leal, M. R., Souza, S. A. D., Aguiar-Menezes, E. D., Lima, M., & Menezes, E. B. (2009). Fruit fly diversity, their host plants and their parasitoids in the northern and northwestern regions of Rio de Janeiro State, Brazil. *Ciencia Rural*.
<https://doi.org/10.1590/S0103-84782009005000002>
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, JC, Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, SE, Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: Análisis de polimorfismo de secuencia de ADN de grandes conjuntos de datos. *Mol. Biol. Evol.* 34: 3299-3302.
DOI: 10.1093 / molbev / msx248
- Lasprilla, D. (2011). Estado actual de fruticultura colombiana y perspectivas para su desarrollo. *Rev. Bras. Frutic., Jaboticabal - SP, Volume Especial*, E. 199-205.
- Luna, G. I. (1987). Clave taxonomica para la identificación del género *Lonchaea* Fallen en la region neotropical (Lonchaeidae: Diptera). Universidad de Panama.
- Lunt, D., Zhang, D., Szymura, J., & Hewitt, G. (1996). The insects and COI gene: Evolutionary patterns and conserved primers for phylogenetic studies. *Insect Molecular Biology*, 5(November 1995), 153–165.
- Lyal, C., Kirk, P., Smith, D., & Smith, R. (2008). The value of taxonomy to biodiversity and agriculture. *Biodiversity*, 9(1-2), 8–13.
<https://doi.org/10.1080/14888386.2008.9712873>
- MacGowan, I. (2001). A new species of *Lonchaea* Fallén (Diptera, Lonchaeidae) from Switzerland. *Studia Dipterologica*, 8(2), 525–528. Retrieved from <http://www.entomologica.es/cont/publis/boletines/909.pdf>
- McGowan, I. (2005). New species of Lonchaeidae (Diptera: Schizophora) from central and southern Africa. *Zootaxa*, 967(1), 1. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.967.1.1>

- McGowan, I. (2007a). *Studia dipterologica: Zeitschrift für Taxonomie, Systematik, Ökologie und Faunistik der Zweiflügler (Diptera)*. En *Studia Dipterologica* (Vol. 14). Ampyx. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20083293837>
- McGowan, I. (2007b). New species of Lonchaeidae (Diptera: Schizophora) from Asia. *Zootaxa*, 1631(1631), 1–32. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.1631.1.1>
- McGowan, I. (2014a). Three new species of *Protearomyia* McAlpine, 1962 (Diptera: Lonchaeidae) with a key to males of the Palearctic species. *Zootaxa*, 3796(2), 337–348. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3796.2.6>
- McGowan, I. (2014b). The Lonchaeidae of Fiji (Diptera: Schizophora) *Zootaxa*, 3814, 537–52.
- McGowan, I., Kwon, T., Ji, O., & Kim, I. (2016). The Lonchaeidae (Diptera) of South Korea with descriptions of four new species. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 19(1), 115–125. <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2015.12.004>
- McGowan, I., & Okamoto, T. (2013). New species of Lonchaeidae (Diptera: Schizophora) from Japan and a re-evaluation of genus *Setisquamalonchaea* Morge. *Entomological Science*, 16(2), 196–202. <https://doi.org/10.1111/ens.12003>
- McGowan, I., & Rotheray, G. E. (2019). Lonchaeidae. En *Manual of Afrotropical Diptera*. Vol. 3 (pp. 1383-1392).
- McGowan, Iain. (2001). A new species of *Lonchaea* Fallen (Diptera, Lonchaeidae) from Switzerland. *Studia dipterologica*, 8(2), 525–528.
- McAlpine, J. F. (1962). THE EVOLUTION OF THE LONCHAEIDAE (DIPTERA) [PhD Thesis]. En *Ph.D. dissertation, University of Illinois. University Microfilms, Inc. Ann Arbor, MI*.
- McAlpine, J.F. & Steykal, G.C. (1982). A revision of *Neosilba* McAlpine with a key to the World genera of Lonchaeidae (Diptera). *The Canadian Entomologist*, 114(2):105 -

137.

McAlpine, J. F. (1987). Lonchaeidae. En *Manual of Nearctic Diptera. Volume 2* (pp. 791-797). <https://doi.org/10.1017/CBO9781107415324.004>

Medina, J., & Takumasa, K. (2012). Listado taxonómico de organismos que afectan la pitaya amarilla, *Selenicereus megalanthus* (K. Schum. Ex Vaupel) Moran (Cactaceae) en Colombia. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*.

Meier, R., Shiyang, K., Vaidya, G., & Ng, P. K. L. (2006). DNA barcoding and taxonomy in Diptera: A tale of high intraspecific variability and low identification success. *Systematic Biology*, 55(5), 715–728. <https://doi.org/10.1080/10635150600969864>

Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (2010). Cadena de las pasifloras Indicadores e instrumentos Primer Trimestre 2020.

Moritz, C., & Cicero, C. (2004). DNA barcoding: Promise and pitfalls. *PLoS Biology*, 2(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020354>

Myers, N. (1988). Threatened biotas: «Hot spots» in tropical forests. *The Environmentalist*, 8(3), 187-208. <https://doi.org/10.1007/BF02240252>

Nicácio, J., & Uchôa, M. A. (2011). Diversity of Frugivorous Flies (Diptera: Tephritidae and Lonchaeidae) and their Relationship with Host Plants (Angiospermae) in Environments of South Pantanal Region, Brazil. *Florida Entomologist*, 94(3), 443–466. <https://doi.org/10.1653/024.094.0309>

Norrbom, A & McAlpine J.F. 1996. A revision of Neotropical species of *Dasiops* Rondani (Diptera: Lonchaeidae) attacking *Pasiflora* (Passifloraceae). *Memoir Entomological Society. WASH.* Pg. 189-211.

Posada López, L. (2016). Inventario de especies y diversidad haplotípica MtCOI de Phlebotominae (Diptera: Psychodidae) en zonas de importancia para la transmisión de leishmaniasis en Colombia. 154.

- Puillandre N, Lambert A, Brouillet S, Achaz G (2012) ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Mol Ecol* 21: 1864–1877
- Pennington J, Wells M. The adult Midgut Structure and Function. En: *Biology of disease vectors*. 2005. 2da. Ed. Marquardt Pp. 785
- Saavedra-Díaz, J., Galeano-Olaya, P. E., & Canal D., N. A. (2017a). Relaciones ecológicas entre frutos hospederos, moscas frugívoras y parasitoides en un fragmento de bosque seco tropical. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 34(1), 32. <https://doi.org/10.22267/rcia.173401.61>
- Saavedra-Díaz, J., Galeano-Olaya, P. E., & Canal D., N. A. (2017b). Relaciones ecológicas entre frutos hospederos, moscas frugívoras y parasitoides en un fragmento de bosque seco tropical. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 34(1), 32. <https://doi.org/10.22267/rcia.173401.61>
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular biology and evolution*, 4(4), 406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- Schowalter, T. (2006). Insect Ecology. En *Insect Ecology*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-088772-9.X5022-5>
- Smith Pardo, A. (2009). La taxonomía y su papel en las sociedades, la agricultura y la conservación. *Boletín del museo entomológico Francisco Luís Gallego*, 1(4), 4 – 8.
- Song, H., Buhay, J. E., Whiting, M. F., & Crandall, K. A. (2008). Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105(36), 13486–13491. <https://doi.org/10.1073/pnas.0803076105>

- Steyskal, G. C. (1982). A revision of *Neosilba* McAlpine with a key to the world genera of Lonchaeidae (diptera). *The Canadian Entomologist*, *114*(2), 105-137.
<https://doi.org/10.4039/Ent114105-2>
- Tautz, D., Arctander, P., Minelli, A., Thomas, R. H., & Vogler, A. P. (2003). A plea for DNA taxonomy. *Trends in Ecology and Evolution*, *18*(2), 70–74.
[https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(02\)00041-1](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(02)00041-1)
- Uchoa-Fernandes, D. A., Isaias De Oliveira, R. M. S. M., & Zucchi, R. A. (2003). ECOLOGY, BEHAVIOR AND BIONOMICS Biodiversity of Frugivorous Flies (Diptera: Tephritoidea) Captured in Citrus Groves, Mato Grosso do Sul, Brazil. *Neotropical Entomology*, *32*(June), 239–246. <https://doi.org/10.1590/S1519-566X2003000200008>
- Will, K., Mishler, B., & Wheeler, Q. (2005). The Perils of DNA Barcoding and the Need for Integrative Taxonomy. *Systematic biology*, *54*, 844-851.
<https://doi.org/10.1080/10635150500354878>
- Yeates, D. K., Wiegmann, B. M., Courtney, G. W. G., Meier, R., Lambkin, C., & Pape, T. (2007). Phylogeny and systematics of Diptera: Two decades of progress and prospects. En *Zootaxa* (Vol. 590, pp. 565–590). <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113.2007.03548.x>
- Yin, X., Zhang, J., & Wang, X. (2004a). Sequential injection analysis system for the determination of arsenic by hydride generation atomic absorption spectrometry. *Fenxi Huaxue*, *32*(10), 1365–1367.
<https://doi.org/10.1017/CBO9781107415324.004>
- Yin, X., Zhang, J., & Wang, X. (2004b). Sequential injection analysis system for the determination of arsenic by hydride generation atomic absorption spectrometry. *Fenxi Huaxue*, *32*(10), 1365-1367.
<https://doi.org/10.1017/CBO9781107415324.004>

Zhang, D. X., & Hewitt, G. M. (1996). Highly conserved nuclear copies of the mitochondrial control region in the desert locust *Schistocerca gregaria*: Some implications for population studies. *Molecular Ecology*, 5(2), 295–300.
<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1996.tb00317.x>