

Explorando la Biodiversidad Oculta: Análisis Morfológico y Molecular de Moluscos en el Bosque Protector La Prosperina (BPP)

PROBLEMA

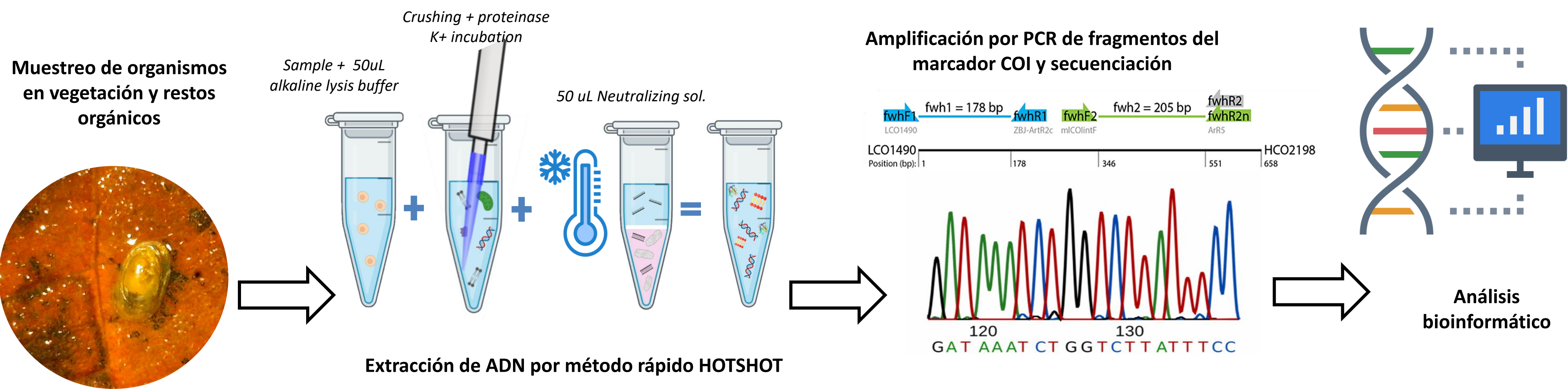
El BPP alberga una gran diversidad de micromoluscos, muchos sin descripción detallada. Estos invertebrados son cruciales para la salud del ecosistema, pero la falta de identificación y caracterización molecular impide su conservación y manejo efectivo. En Sudamérica, la información sobre estas especies es incompleta y desactualizada, lo que dificulta comparaciones precisas. La sobreexplotación, pérdida de hábitats y cambio climático han puesto a 1/3 de las especies de agua dulce en riesgo de extinción, agravado por la escasez de datos sobre su biogeografía y estado de conservación.

OBJETIVO GENERAL

Identificar la identidad molecular y morfológica de una especie de molusco en el BPP mediante la obtención de muestras de alta calidad y la secuenciación genética para la contribución al conocimiento científico local y a la conservación de la biodiversidad en Ecuador.

PROPUESTA

Implementar la combinación de observaciones morfológicas con técnicas moleculares usando al gen de la subunidad 1 del citocromo oxidasa mitocondrial (COI) como marcador filogenético. Ensamblaje y análisis de datos con herramientas bioinformáticas y comparación con estudios previos para la revelación de especies crípticas.



RESULTADOS

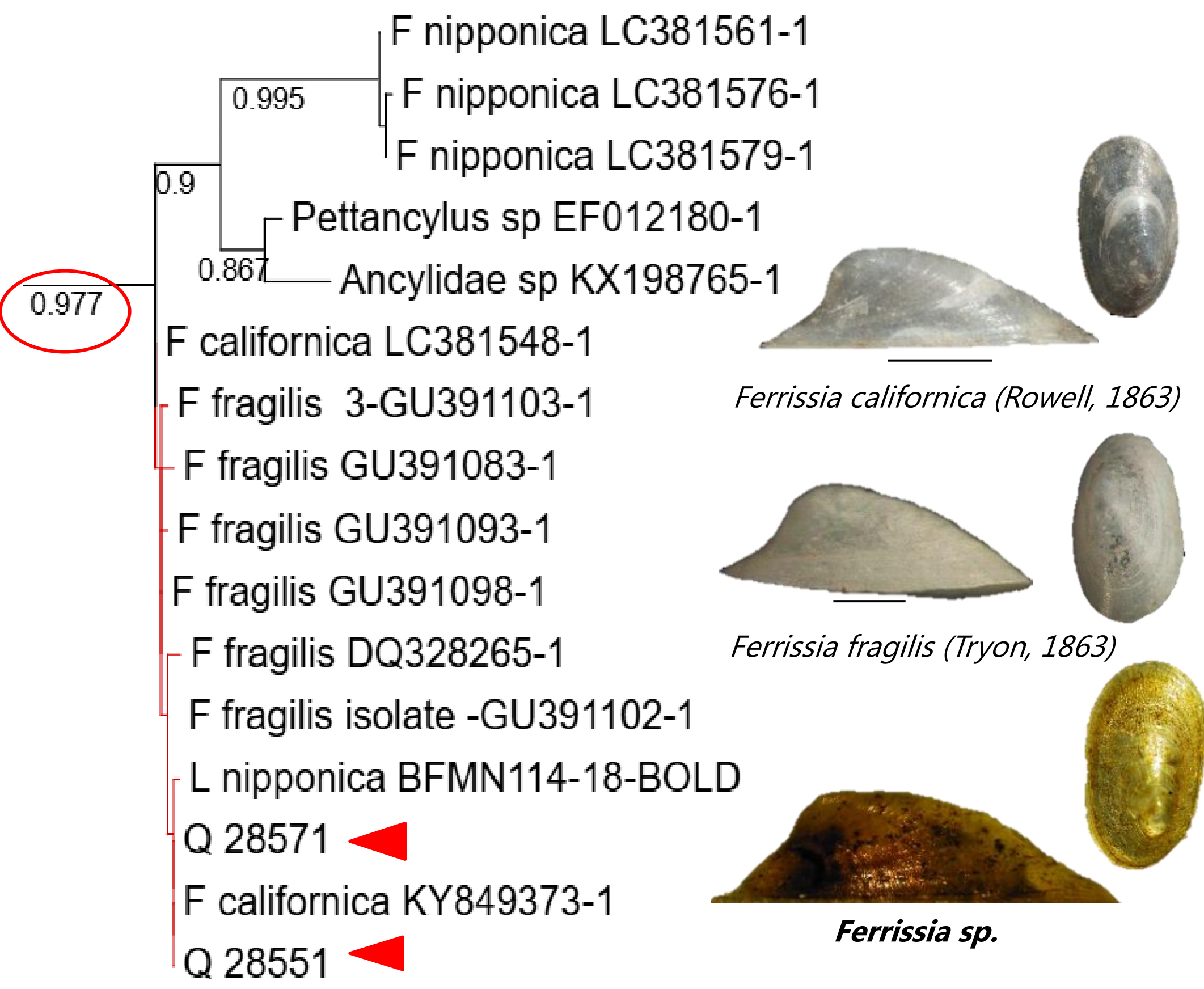


Figura 2. Árbol de máxima verosimilitud (ML) con 2 secuencias de estudio, Q28571 y Q28551. Modelo evolutivo Hasegawa-Kishino-Yano (HKY) + G+I. Soporte por eBayes

- Se usaron las secuencias de nucleótidos obtenidas de los organismos y otras secuencias minadas de la base de datos GenBank y BOLD mediante alineamiento múltiple.
- Se logró determinar una agrupación en un clado con especies de lapas del género **Ferrissia**. Este clado presentó un soporte alto de eBayes 0.977 indicando gran confianza en la relación filogenética.
- Se determinaron caracteres diagnósticos del género **Ferrissia** de acuerdo con la morfología externa de las conchas de los especímenes.

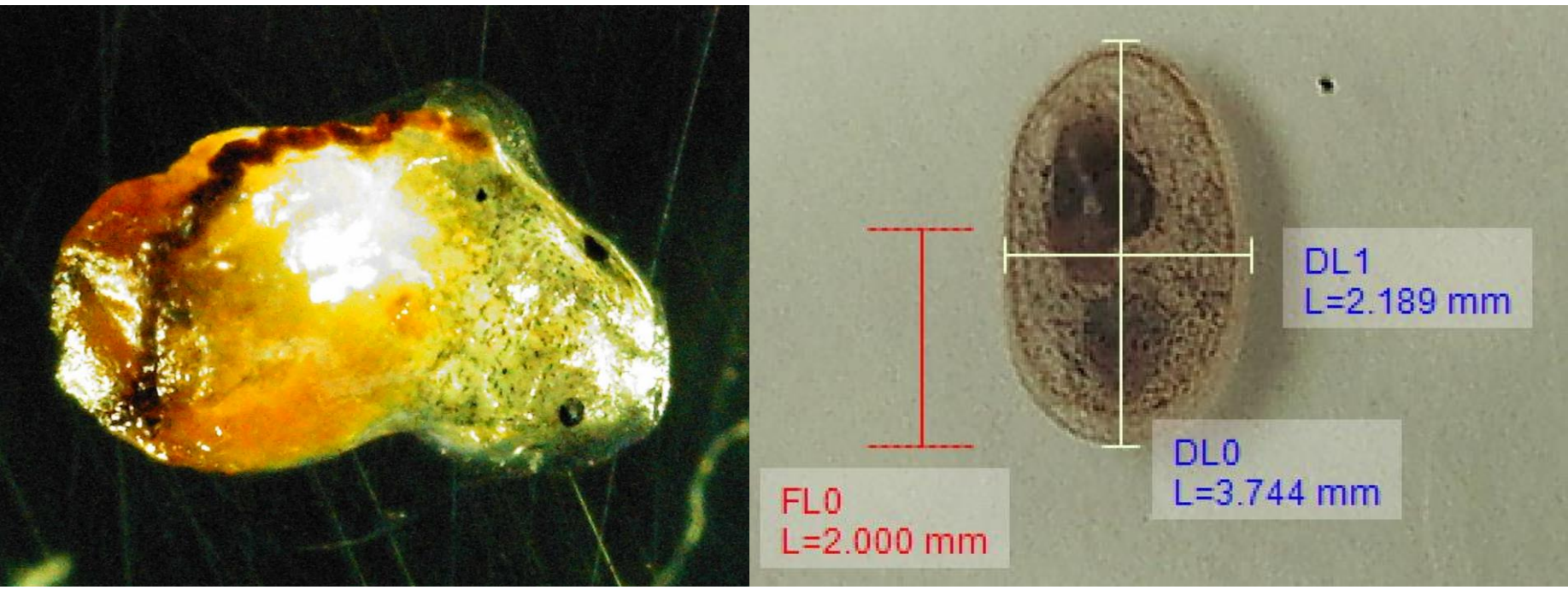


Figura 3. Izquierda: Observación del organismo. Derecha: Observación de la concha en vista superior. Medidas biométricas de la concha

CONCLUSIONES

- A pesar de que el marcador filogenético **COI** es uno de los más populares usado en la sistemática molecular y encontrado mayormente en las bases de datos genéticos, no es suficientemente descriptivo para determinar diferencias entre las especies más cercanas.
- La investigación realizada subraya la importancia de estudios moleculares que sustenten descripciones morfológicas para la identificación precisa de especies en ecosistemas poco explorados.
- Se identificaron desafíos relacionados con las comparaciones de características de las conchas debido al alto nivel de plasticidad en la morfología de las conchas de este grupo como respuesta a las condiciones del hábitat.