



Taxonomía y sistemática

Uso del código de barras de la vida para detectar problemas taxonómicos en Cerambycidae (Coleoptera: Chrysomeloidea) de un bosque tropical caducifolio

Barcoding for detecting taxonomic problems in Cerambycidae (Coleoptera: Chrysomeloidea) from a dry tropical forest

Oscar Pérez-Flores^{a,*}, Víctor Hugo Toledo-Hernández^b y Alejandro Zaldívar-Riverón^a

^a Colección Nacional de Insectos, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad Universitaria, Apartado postal 70-233, 04510, Ciudad de México, México

^b Centro de Investigación en Biodiversidad y Conservación, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Av. Universidad 1001, Col. Chamilpa, 62209, Cuernavaca, Morelos, México

Recibido el 13 de julio de 2016; aceptado el 5 de octubre de 2016
Disponible en Internet el 24 de febrero de 2017

Resumen

El uso del locus del código de barras de la vida, además de agilizar la identificación de especies, permite la detección de problemas taxonómicos en grupos en donde la información morfológica no es concluyente. En este trabajo se presenta un estudio faunístico de la familia Cerambycidae (Coleoptera) de la estación de Biología de Chamela, Jalisco, México, empleando evidencia morfológica y secuencias del código de barras. Fueron recolectados un total de 720 ejemplares de los cuales se identificaron 144 especies agrupadas en 82 géneros, 34 tribus y 4 subfamilias. Once de estas especies son nuevos registros para la región, 8 para el estado de Jalisco y uno para México. Se analizaron 217 secuencias para 120 de las morfoespecies discriminadas. A partir de estas secuencias se delimitaron 132 unidades taxonómicas moleculares con base en el criterio del 2% de divergencia genética, 110 de las cuales fueron congruentes con la identificación morfológica. El uso de la información molecular permitió detectar problemas taxonómicos en 8 especies con variación morfológica considerable. Este trabajo representa el primer estudio faunístico de la familia para México que utiliza el locus del código de barras como herramienta para la delimitación de especies.

© 2017 Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Biología. Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Palabras clave: Taxonomía; Citocromo oxidasa I; México; Neotrópico; Insecta

Abstract

DNA barcoding, besides accelerating species identification, also allows the detection of taxonomic problems in groups where the morphological information is not conclusive. This paper presents a faunistic study of the family Cerambycidae (Coleoptera) from the Chamela Biological Station in Jalisco, Mexico, using both morphological and DNA barcoding evidence. We collected 720 specimens, of which 144 species were identified belonging to 82 genera, 34 tribes and 4 subfamilies. Eleven of these species are new records for the region, 8 for the state of Jalisco and 1 for Mexico. We analyzed 217 sequences for 120 of the discriminated morphospecies. From these sequences, we delimited 132 molecular taxonomic units based on the 2% genetic divergence criterion, 110 of which were consistent with morphological identification. The use of molecular information allowed us to detect taxonomic problems in 8 species with considerable morphological variation. This work represents the first faunistic study for the family in Mexico using the DNA barcoding locus as a tool to delimit species.

© 2017 Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Biología. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Keywords: Taxonomy; Cytochrome oxidase I; Mexico; Neotropical; Insecta

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: oscar_skopt@ciencias.unam.mx (O. Pérez-Flores).

La revisión por pares es responsabilidad de la Universidad Nacional Autónoma de México.

Introducción

El locus del código de barras de la vida en animales (658 pares de bases del gen mitocondrial citocromo oxidasa I) es un marcador genético de gran utilidad para el reconocimiento de especies, debido a que su tasa de divergencia nucleotídica es generalmente mucho menor a nivel intra- que interespecífico (Gregory, 2005; Hebert y Gregory, 2005; Hebert, Ratnasingham y de Waard, 2003). Esta característica hace que sea particularmente atractivo para el estudio taxonómico de grupos megadiversos y poco estudiados de invertebrados, ayudando a detectar problemas taxonómicos, especies crípticas, plasticidad fenotípica e inclusive asociar estadios dentro del ciclo de vida de una especie (Ceccarelli, Sharkey y Zaldívar-Riverón, 2012; Hebert et al., 2003; Lanteri, 2007). En este sentido, el uso de información genética representa una herramienta muy útil para la identificación y resolución de problemas taxonómicos en varias familias de coleópteros (p. ej. Raupach et al., 2010; Cline y Huether, 2011; Davis et al., 2011).

La familia Cerambycidae es una de las familias con mayor riqueza de especies en el orden Coleoptera, se estiman en el mundo alrededor de 35,000 especies descritas (Švácha y Lawrence, 2014), para el Continente Americano se registran alrededor de 9,000 (Bezark, 2016). En México se han registrado 1,621 especies de cerambícidos, siendo 788 (alrededor del 50%) endémicas para el país (Noguera, 2014) y se pueden encontrar desde el nivel del mar hasta sitios de alta montaña a más de 4,000 metros de altitud (Bezark, 2016). La familia está dividida en 8 subfamilias (Švácha y Lawrence, 2014), de las cuales solo Dorcasominae no se ha reportado para el territorio mexicano (Noguera, 2014). Los cerambícidos tienen una considerable diversidad morfológica, aunque casi siempre es posible distinguirlos por la presencia de antenas que a veces son 2 o 3 veces más largas que el cuerpo, así como por tener ojos facetados y tarsos pseudotetrámeros, con el cuarto tarsómero muy reducido (Linsley, 1961; Noguera, 2014). El tamaño de los cerambícidos es muy variable, presentando especies con una longitud que va de los 2.5 (*Cyrtinus* sp.) hasta los 180 mm (*Titanus giganteus*). Este grupo comprende especies fitófagas, aunque las larvas son generalmente xilófagas, razón por la que adquieren un importante papel ecológico ya que participan en la descomposición de materia orgánica y circulación de los minerales hacia el suelo (Linsley, 1961). La considerable riqueza específica y la gran diversidad de formas y hábitos presentes en Cerambycidae se relacionan directamente con un gran número de problemas taxonómicos en cuanto a su clasificación y reconocimiento de especies. En México, son pocos los estudios dirigidos a resolver problemas taxonómicos en Cerambycidae, siendo las principales revisiones genéricas (Toledo, 1997; 2005; Noguera, 2002).

La Estación de Biología de Chamela (EBCh) del Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México (IB-UNAM), se encuentra localizada en una de las regiones de bosque tropical caducifolio mejor preservadas en territorio mexicano. Esta estación representa uno de los principales sitios en el país en donde se realiza investigación tanto de tipo faunístico como florístico. En cuanto a coleópteros, pocos son los trabajos que han permitido conocer la riqueza de especies de

algunas familias presentes en esta región (p. ej. Noguera, Vega, García y Quesada, 2002). Con respecto a Cerambycidae, en la EBCh se realizó un estudio faunístico derivado de 10 años de muestreo (Chemsak y Noguera, 1993), en el que se reportaron 306 especies, de las cuales solo 260 están determinadas a nivel específico y se describieron 2 géneros y 23 especies nuevas para la ciencia. No obstante, a pesar de lo exhaustivo de este estudio, la lista de especies en la región podría aumentar debido a la biología que caracteriza a los cerambícidos y a su problemática en la taxonomía de varios géneros y especies reportados.

En el presente estudio se obtuvieron secuencias del código de barras de la vida para ejemplares pertenecientes a 120 especies de Cerambycidae en la EBCh. La generación de esta base de datos genética y su posterior comparación con la morfología externa de los ejemplares examinados permitió identificar 8 casos de especies en donde existe incongruencia entre estos 2 tipos de evidencia, y en las cuales, por lo tanto, es necesario realizar estudios taxonómicos más detallados. Además, se reportan 11 nuevos registros de especies para la región, 8 para el estado de Jalisco, así como un nuevo registro para el país. Este estudio representa el primer inventario para la familia en una región del territorio mexicano en donde se emplea como herramienta para la delimitación de especies el código de barras de la vida, y demuestra el valor que puede tener el uso de diferentes sistemas de caracteres para la realización de inventarios faunísticos de grupos megadiversos y poco estudiados.

Materiales y métodos

La EBCh del IB-UNAM se localiza en el estado de Jalisco, México, en el municipio de la Huerta, a 2 km al oeste de la costa y 6 km al sureste de la Bahía de Chamela (19°30' y 19°33' N, 105°00' y 105°03' O). Los tipos de vegetación predominantes son el bosque tropical caducifolio y la selva mediana subperennifolia (Bullock y Solís-Magallanes, 1990). Por la dinámica de lluvias se originan 2 épocas marcadas: una húmeda que va de junio a octubre, y una seca entre noviembre y junio (Bullock, 1986, 1988).

Los ejemplares se obtuvieron de 10 salidas al campo realizadas de los años 2009 al 2012. De estas salidas, 4 se realizaron en periodo de secas y 6 en época de lluvias. Los ejemplares se recolectaron con trampas de luz negra y blanca, trampas malaise, red de golpeo, red aérea y por recolecta directa. Los organismos fueron preservados en alcohol de 96° y refrigerados a -20 °C hasta el momento de ser montados o procesados para su secuenciación. Los organismos fueron revisados con un microscopio estereoscópico marca Zeiss® Stemi DV4. La identificación a nivel de género y especie se realizó con base en literatura especializada y mediante la comparación directa con material depositado en la Colección Nacional de Insectos del IB-UNAM. Además, algunas de las especies fueron determinadas por el Dr. Miguel Monné.

Generación de secuencias de ADN

El trabajo de laboratorio se llevó a cabo en la Universidad de Guelph, Ontario, Canadá y en el Laboratorio de Biología

Molecular de Zoología del IB-UNAM. En el caso de los ejemplares secuenciados en la Universidad de Guelph, se utilizó el protocolo descrito por Ivanova, Dewaard y Hebert (2006). El trabajo de laboratorio en el IB-UNAM consistió en la extracción de ADN genómico y amplificación del locus del código de barras de la vida. Para la extracción de ADN genómico se usó el kit «Dneasy blood and tissue extraction» (QIAGEN®) siguiendo el protocolo del fabricante. La extracción de ADN se obtuvo a partir de aproximadamente 20 mg de tejido muscular de la pata o abdomen de cada individuo.

El marcador genético secuenciado correspondió a un fragmento de 600–658 pares de bases del gen mitocondrial citocromo oxidasa I (COI). Para la amplificación del ADN se preparó una solución con un volumen total de 15 µL, el cual contenía: 10.475 µL de ddH₂O, 1.25 µL de 10 × PCR buffer, 0.5 µL de 50 mM MgCl₂, 0.25 de 10 mM dNTP mix, 0.2 µL de primer forward, 0.2 µL de primer reverse, 0.125 µL de Taq polimerasa platino (Invitrogen®, Carlsbad, CA, EE. UU.), y 2–3 µL de ADN (20–50 nanogramos). Las amplificaciones se realizaron utilizando los oligonucleótidos LCO1490 y HCO2198 diseñados por Folmer, Black, Hoeh, Lutz y Vrijenhoek (1994). Las condiciones de amplificación fueron las siguientes: un paso inicial de desnaturalización de 3 min a 95 °C, seguido de 30 ciclos de 94 °C durante 45 segundos, 50 °C durante 45 segundos (temperatura a la cual se observó mejor alineamiento) y 72 °C durante un minuto, y un paso de extensión final a 72 °C durante 5 min, dejando por último a una temperatura constante de 4 °C.

Los productos de PCR sin purificar fueron enviados a la Unidad Genómica de Alto Rendimiento de la Universidad de Washington para la obtención de las secuencias. Todas las secuencias fueron editadas usando el programa MEGA versión 6.0 (Tamura, Stecher, Peterson, Filipitski y Kumar, 2013) y alineadas manualmente con base en la traducción de aminoácidos. Se tomaron fotografías con un microscopio estereoscópico marca Leica® Z16 APOA y una cámara Leica® DFC490 para los organismos de talla menor a 2 cm. Para los insectos de mayor tamaño, se tomaron fotografías con una cámara Nikon® Coolpix P100 multiráfaga. Todas las secuencias y fotografías generadas fueron subidas a la página de BOLD (<http://www.boldsystems.org/>), en el proyecto público «Cerambycidae de Chamela» (CER Project). Esa información es presentada en dicha página web junto con los datos de recolecta de cada organismo y el número de acceso de GenBank de las secuencias generadas.

La delimitación de especies a partir de las secuencias generadas del gen COI se realizó usando el criterio de divergencia genética del 2% (Hebert et al., 2003). Para este método, las distancias genéticas corregidas se calcularon empleando el modelo de evolución K2P (Kimura, 1980) y se visualizaron en un fenograma empleando el método de distancias de «neighbor joining». Las distancias genéticas y el fenograma fueron reconstruidos con la plataforma de BOLD (www.boldsystems.org).

Resultados

En el apéndice 1 se presenta una lista de las especies identificadas, así como el número de ejemplares recolectados

y secuenciados. Se recolectaron e identificaron 720 ejemplares, obteniéndose 144 especies agrupadas en 82 géneros y 34 tribus pertenecientes a las subfamilias Prioninae, Lepturinae, Cerambycinae y Lamiinae. De estas especies, 11 son nuevos registros para la región de Chamela: *Anisopodus mexicanus* Bates 1881, *Leptostylus cretatellus* Bates 1863, *Lepturges angulatus* (LeConte 1852), *Lepturges macilentus* Bates 1881, *Neoclytus augusti* (Chevrolat 1835), *Oreodera glauca glauca* (Linnaeus 1758), *Ozineus cribripennis* Bates 1885, *Psapharochrus borrei* (Dugés 1885), *Psyrrassa nigroaenea* Bates 1892, *Ptericoptus caudalis* Bates 1880 y *Xeranoplium bicolor* Chemsak y Linsley 1963. Para Jalisco se reportan como registros nuevos a: *A. mexicanus*, *L. cretatellus*, *L. angulatus*, *L. macilentus*, *O. cribripennis*, *P. nigroaenea*, *P. caudalis* y *X. bicolor*. Además, se reporta como registro nuevo para México a *O. cribripennis*.

Delimitación de especies

Se generaron 228 secuencias, de las cuales se descartaron 11 por contener dobles picos en sus cromatogramas. Las 217 secuencias restantes corresponden a 120 de las 144 especies identificadas con evidencia morfológica. El fenograma obtenido se presenta en el material suplementario. La delimitación de especies con base en el criterio de 2% de divergencia genética permitió identificar 132 unidades taxonómicas moleculares, 110 de las cuales fueron congruentes con la identificación morfológica. Ocho morfoespecies presentaron incongruencia con la evidencia molecular. La información molecular dividió a estas morfoespecies en distintas unidades taxonómicas que están separadas por distancias genéticas superiores al 2%. Las especies en las que existe esta incongruencia pertenecen a los géneros *Acanthoderes*, *Essostrutha*, *Nemognathomimus*, *Neoclytus*, *Ornithia*, *Ozineus* y *Psyrrassa*.

Discusión

Riqueza de especies de Cerambycidae en la región de Chamela

El presente trabajo representa el primer estudio faunístico de cerambycidos en una región del territorio mexicano en donde se utiliza la información del código de barras de la vida como herramienta para la delimitación de especies. Entre los resultados obtenidos se aportan 11 especies como registros adicionales al estudio faunístico previo de la familia en la región de Chamela, el cual derivó de 10 años de muestreo en la zona (Chemsak y Noguera, 1993). Los nuevos registros reportados en nuestro estudio, resaltan la importancia de llevar a cabo trabajos faunísticos para Cerambycidae por largos periodos de tiempo, lo cual permitirá conocer su riqueza real de especies y también aportará información sobre sus ciclos de vida, ya que algunas tienen ciclos de vida mayores a 10 años (Linsley, 1961).

Detección de problemas taxonómicos

El uso de herramientas moleculares en estudios de biodiversidad no solo agiliza y facilita la delimitación de especies,

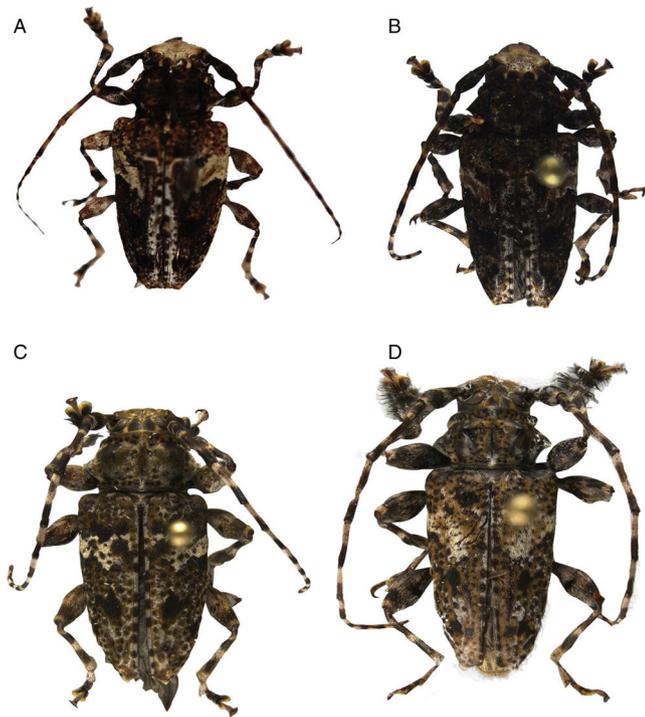


Figura 1. A) *Aegomorphus albosignus* Chemsak y Noguera; B, C y D), *Acanthoderes ramirezi* Chemsak y Hovore, vista dorsal.

sino también sirve como una herramienta adicional para resolver problemas taxonómicos. Estos tipos de enfoques pueden ayudar considerablemente a la taxonomía de Cerambycidae, en donde no se tienen claros los límites de especies en varios de sus géneros. Las incongruencias encontradas entre la evidencia morfológica y molecular para algunas de las especies identificadas ocurrieron en géneros pobremente estudiados en los que no existen claves ni estudios taxonómicos exhaustivos. Además, estos géneros presentan una variación morfológica considerable en sus caracteres diagnósticos, especialmente los de coloración. A continuación se explican los casos de incongruencia morfológica y molecular encontrados y se discute la variación morfológica presente en estos taxones. Esta información facilitará la realización de estudios posteriores más profundos para los taxones involucrados con el fin de resolver de manera conclusiva los límites entre sus especies.

Acanthoderes ramirezi

Los resultados obtenidos permitieron identificar una morfoespecie, identificada como *A. ramirezi*. No obstante, la información del código de barras delimitó 3 unidades taxonómicas moleculares. De acuerdo con Chemsak y Hovore (2002), *A. ramirezi* (figs. 1B, C y D) se reconoce por sus ojos toscamente facetados, con lóbulo inferior grande, la forma de los tubérculos del pronoto, indistintas gibosidades en la base de los élitros y la presencia de fascias blancas en los élitros. En los ejemplares recolectados, las 3 últimas características presentan una variación considerable. Por esta razón, *A. ramirezi* se confunde frecuentemente con otras especies de este y otros géneros que también tienen fascias de color blanco en los élitros, tales como *Acanthoderes quadrigibba*,

Aegomorphus albosignus (fig. 1A) y *P. borrei*, esta última anteriormente incluida dentro de *Acanthoderes* (Chemsak y Hovore, 2002).

Chemsak y Hovore (2002) mencionaron que la variación en coloración en las especies de *Acanthoderes* es congruente con la distribución geográfica de las especies reconocidas. No obstante, en las 3 unidades taxonómicas asignadas a *A. ramirezi* que fueron delimitadas existen diferencias morfológicas claras no solo en coloración de élitros y pronoto, sino también en la longitud que tienen las protuberancias del pronoto y élitros (fig. 1).

Essostrutha laeta

Fue identificada una especie para los ejemplares asignados a este género, *E. laeta*, aunque la información molecular separó a los ejemplares de color naranja con puntuaciones negras en la base y ápice de los élitros de los ejemplares con un solo color en cabeza, pronoto y élitros, y con puntuaciones menos evidentes en el pronoto. En su revisión de *Essostrutha*, Chemsak (1978) menciona que la variación de coloración en *E. laeta* representa dimorfismo sexual, y sugiere que los machos generalmente tienen una sola coloración, aunque ocasionalmente pueden presentar el ápice de los élitros de color negro, mientras que las hembras tienen los élitros con una estrecha banda negra en la base y mayor área negra en el ápice, aunque se ha registrado que ambos sexos pueden presentar los élitros totalmente oscuros o negros. La evidencia molecular para los ejemplares originalmente asignados a *E. laeta* refuta la propuesta de Chemsak (1978). Al revisar los ejemplares, se observó una variación considerable de coloración en ambos sexos (fig. 2), que concuerda con la delimitación con evidencia molecular, la cual separa a los ejemplares de un solo color de los que presentan puntuaciones negras en base y ápice de los élitros de color negro, independientemente de su sexo.

Nemognathomimus

La morfología de los ejemplares indica la presencia de una sola especie con dicromatismo sexual, *Nemognathomimus opacipennis* (fig. 3). Chemsak y Noguera (1993) describen coloración negra en la cabeza para los machos de esta especie, y coloración naranja en la cabeza para las hembras. Sin embargo, nuestros datos moleculares muestran una distancia genética intraespecífica considerable para los ejemplares secuenciados asignados a *N. opacipennis* (hasta 4.43%), dividiéndolos en 2 unidades taxonómicas moleculares. Solo se cuenta con secuencias de 3 ejemplares para este taxón, por lo que estudios subsecuentes con un mayor muestreo de ejemplares de ambos sexos permitirá conocer si en realidad existen 2 especies involucradas y no una sola con dicromatismo sexual.

Neoclytus

La identificación morfológica permitió reconocer una especie, *N. augusti*, aunque la evidencia molecular la dividió en 2 unidades taxonómicas moleculares. Chemsak y Noguera (1993) incluyen a *Neoclytus* en su listado con 2 especies, aunque no fueron determinadas a nivel específico. Las especies de *Neoclytus* no han sido estudiadas para México, lo que

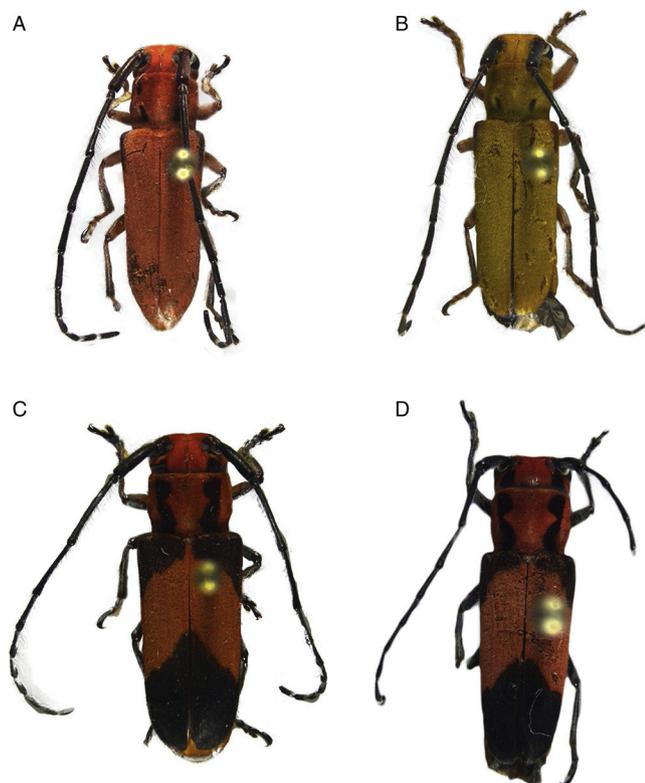


Figura 2. A-D) *Esostrutha laeta* (Newman) vista dorsal, C) hembra, D) macho.

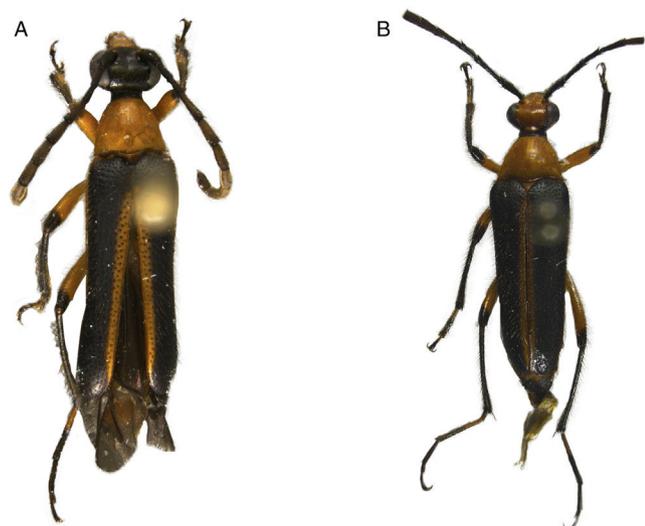


Figura 3. A y B) *Nemognathomimus opacipennis* Chemsak y Noguera, vista dorsal.

imposibilitó la identificación de especies usando una clave taxonómica. En este estudio, las especies de *Neoclytus* se identificaron con base en las descripciones originales. Giesbert (1989) y di Iorio (1995) realizaron estudios taxonómicos para *Neoclytus*, en los cuales elaboraron claves taxonómicas para las especies de Panamá y Argentina, respectivamente. En dichas claves, los autores hacen referencia a las bandas de setas del pronoto y élitros como carácter importante para la identificación de las especies. Estas bandas, así como la coloración y forma

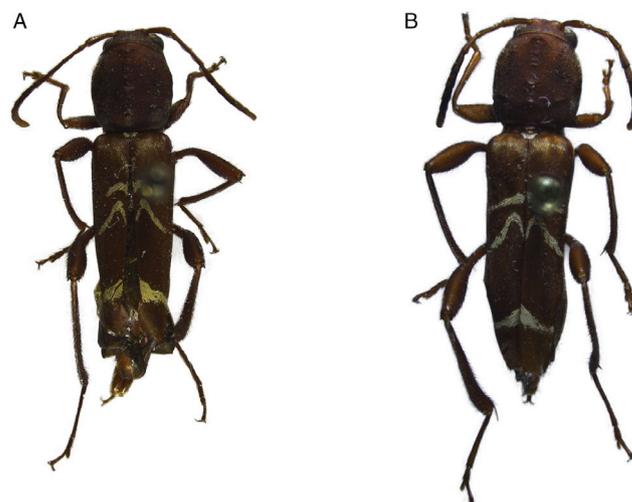


Figura 4. A y B) *Neoclytus augusti* (Chevrolat), vista dorsal.

de los antenómeros, se utilizaron para identificar a *N. augusti* (fig. 4), la cual es muy similar a *Neoclytus tenuiscriptus*, igualmente reportada para el estado de Jalisco.

La principal diferencia morfológica observable entre los ejemplares secuenciados de *N. augusti* es la coloración de las bandas sobre los élitros, así como la coloración en los antenómeros terminales. Estos 2 caracteres son muy variables en los individuos recolectados, en particular las bandas de los élitros, las cuales incluso varían en forma. La evidencia molecular separó los ejemplares con coloración amarilla en las bandas de los élitros y antenómeros terminales café claro (fig. 4A) de los que presentan coloración blanca en las bandas elitrales y antenómeros terminales café oscuro (fig. 4B). Este resultado enfatiza la necesidad de realizar una revisión del género, en particular para el territorio mexicano, en donde a la fecha se han reportado 14 especies (Bezark, 2016).

Ornithia

Este género monotípico está representado por *O. mexicana* (fig. 5), la cual tiene 2 subespecies reconocidas, *Ornithia m. mexicana* y *Ornithia m. zapotensis*. El carácter propuesto para distinguir a estas subespecies es la coloración de las bandas sobre el pronoto (Tippmann, 1960). En *O. m. mexicana*, estas bandas varían de blanco a amarillento, mientras en *O. m. zapotensis* son de color amarillo limón. Los resultados moleculares delimitaron a 2 unidades taxonómicas moleculares, una para los ejemplares con fémures claramente clavados y bandas blancas sobre el pronoto y élitros (figs. 5C y D), y otra representada por ejemplares con bandas amarillas en el pronoto y élitros (fig. 5A y B). Estos resultados apoyan la asignación de especies para *Ornithia* anteriormente propuesta por Sturm (1843) y Tippmann (1960).

Ozineus

La incongruencia que fue encontrada en este género pertenece a *O. cribripennis* (fig. 6), la cual no se tenía reportada para México. *Ozineus* había sido anteriormente reportado para el país con 2 especies, *Ozineus arietinus* y *Ozineus spinicornis* (Bezark,

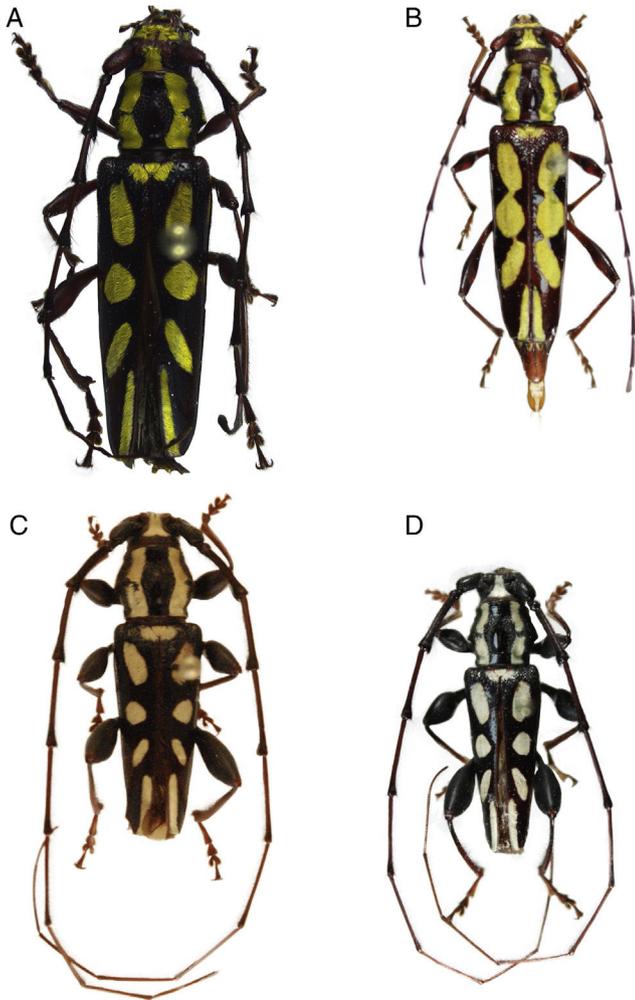


Figura 5. A-D), *Ornithia mexicana* (Sturm), vista dorsal.

2016). La delimitación mediante COI derivó en 2 unidades taxonómicas moleculares. La principal diferencia observable en los ejemplares de los 2 grupos delimitados por COI son las puntuaciones sobre el pronoto y élitros, anillos en el escapo, además

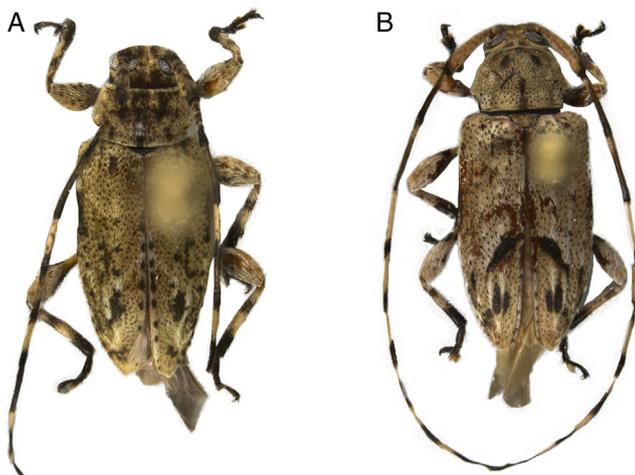


Figura 6. A y B) *Ozineus cribripennis* Bates, vista dorsal.

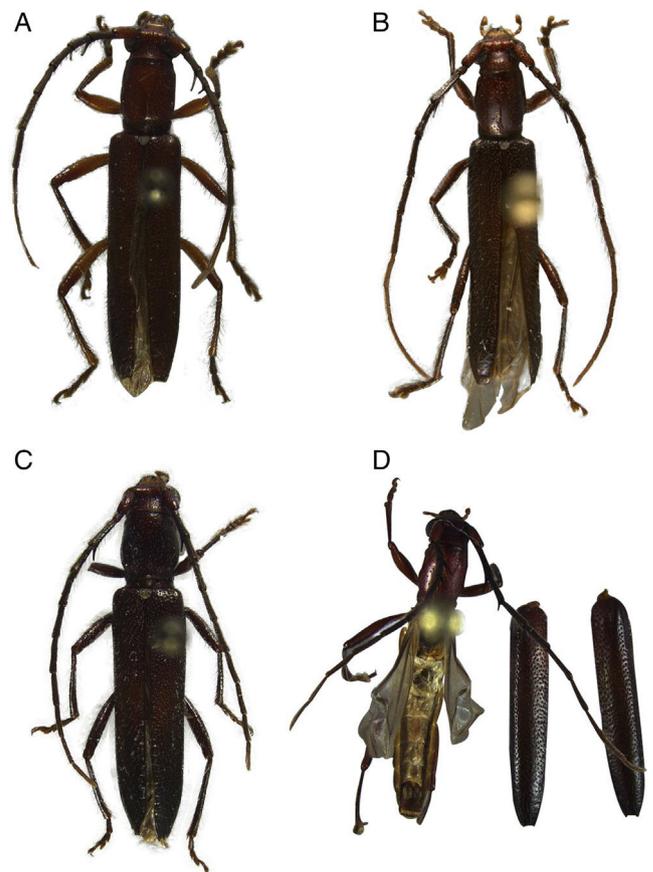


Figura 7. A y B), *Psyrassa cylindricollis* Linsley; C) y D) *Psyrassa nigroaena* Bates, vista dorsal.

de la diferencia en la abundancia de pubescencia sobre todo el cuerpo.

Psyrassa

Para este género se encontraron 2 incongruencias entre la información morfológica y molecular en 2 especies distintas. *Psyrassa* pertenece a una de las tribus con más problemas taxonómicos y con mayor riqueza de especies de Cerambycidae, Elaphidiini (Chemsak, Linsley y Hovore, 1988), teniendo su mayor riqueza en México y Centroamérica (Toledo, 2005). Uno de los casos de incongruencia se detectó en la especie asignada a *Psyrassa cylindricollis* (fig. 7A y B). Toledo (2005) indicó que esta especie es morfológicamente similar a *Psyrassa brevicornis*, de la cual solo se distingue por la longitud de las antenas, las cuales son más largas en *P. cylindricollis*. No obstante, en este trabajo se observó que la longitud de las antenas en *P. cylindricollis* varía considerablemente. Otro de los caracteres que delimitan a *P. cylindricollis* es la longitud de la espina del tercer artejo antenal, aunque también es muy variable. Incluso, en nuestros ejemplares examinados se pudieron observar ejemplares con antenas largas pero con la espina del tercer artejo pequeña (menor o igual que 1/3) o viceversa.

El segundo caso de incongruencia en *Psyrassa* se encontró entre los ejemplares asignados a *P. nigroaena* (fig. 7C y D).

Toledo (2005) discutió sobre el parecido de esta especie con *Psyrassa katsurae*, las cuales se distinguen por diferencias en la coloración del integumento, la talla completa del ejemplar y las espinas de 2 artejos antenales. Al igual que *P. cylindricollis*, estos caracteres son muy variables intraespecíficamente, ya que se observaron ejemplares de talla mayor a la descrita en la revisión del género que presentaban el integumento negro.

Como consideración final, el presente trabajo remarca la importancia del uso de herramientas moleculares en estudios de biodiversidad, sobre todo para los grupos de invertebrados megadiversos y poco estudiados, ya que no solo agilizan y facilitan la identificación de especies, sino que además permiten detectar problemas taxonómicos en taxones en donde la información morfológica no logra discernir la variación intra- de la interespecífica. Las investigaciones que empleen un criterio de taxonomía integradora (*sensu* Padial y de la Riva, 2010) deben ser regularmente utilizadas en estudios de biodiversidad debido a su mayor nivel de resolución en el reconocimiento y delimitación de especies. Los estudios taxonómicos posteriores que se lleven a cabo para los taxones aquí mencionados se verán beneficiados con la evidencia presentada en este estudio.

Agradecimientos

Agradecemos a Alicia Valerio por el apoyo otorgado durante la realización de este trabajo, a Miguel Monné por la ayuda en la identificación de algunas especies, a Felipe Noguera por confirmar la identificación de algunos ejemplares, a Cristina Mayorga y Guillermina Ortega por su asistencia en la curación del material entomológico examinado y a Carlos Pedraza y Andrea Jiménez por su asesoría en el trabajo de laboratorio. A. Zaldívar recibió apoyo financiero por parte de la Conabio (proyecto HB033) y el Conacyt (Red Temática del Código de Barras de la Vida) para la realización de este estudio. Este trabajo formó parte de la tesis de licenciatura de O. Pérez Flores.

Apéndice 1. Lista de especies de Cerambycidae de la Estación de Biología Chamela, Jalisco, México registradas en el presente estudio. Entre paréntesis se presenta el número de ejemplares recolectados y secuenciados para cada especie, respectivamente. * Especies registradas en este estudio, delimitadas con morfología. ^Especies registradas en este estudio, delimitadas con morfología y COI.

Prioninae
Pionini
^*Derobrachus sulcicornis* Audinet-Serville, 1832 (2, 2)
Macrotomini
^*Strongylaspis corticarius* (Erichson in Schomburg, 1848) (4, 1)
Lepturinae
Lepturini
^*Nemognathomimus michelbacheri* Chemsak y Giesbert, 1986 (1, 1)

^*N. opacipennis* Chemsak y Noguera, 1993 (3, 3)
* *Strangalia bicolorella* Chemsak, 1969 (1)
^*S. cavaventra* Chemsak, 1969 (1, 1)
^*S. doyeri* Chemsak y Linsley, 1976 (1, 1)
^*S. hamatipes* Giesbert, 1986 (3, 1)
Cerambycinae
Bothriospilini
^*Gnaphalodes trachyderoides* Thomson 1861 (3, 1)
Cerambycini
^*Juiaparus mexicanus* (Thomson, 1861) (6, 2)
Clytini
^*Neoclytus augusti* (Chevrolat, 1835) (9, 2)
* *Placosternus difficilis* (Chevrolat, 1862) (3)
Dryobiini
^*Ornithia mexicana* (Sturm, 1843) (8, 4)
Eburini
^*Eburia chemsaki* Noguera, 2002 (5, 2)
^*E. juanita* Chemsak y Linsley, 1970 (7, 1)
^*E. laticollis* Bates, 1880 (9, 6)
^*E. nigrovittata* Bates, 1884 (3, 1)
^*E. paraegrota* Chemsak y Linsley, 1973 (8, 2)
^*E. perezii* Chemsak y Giesbert, 1986 (3, 1)
^*E. powelli* Chemsak y Linsley, 1970 (5, 1)
* *Eburodacrys hesperidis* Chemsak y Linsley 1970 (1)
^*Susuacanga hatsueae* Chemsak y Giesbert, 1986 (2, 1)
Elaphidiini
^*Aneflomorpha hovorei* Chemsak y Noguera, 2005 (5, 2)
^*Anelaphus badius* Chemsak, 1991 (3, 1)
^*A. maculatum* (Chemsak y Noguera, 1993) (2, 1)
^*A. nitidipennis* Chemsak y Linsley, 1968 (3, 1)
^*A. piceum* (Chemsak, 1962) (5, 1)
* *A. vernus* Chemsak, 1991 (1)
* *Anopliomorpha antennata* Chemsak y Noguera, 1993 (3)
^*A. gracilis* Chemsak y Noguera, 1993 (15, 3)
^*A. reticolle* (Bates, 1885) (13, 2)
^*Conosphaeron concolor concolor* Linsley, 1935 (22, 4)
^*Elaphidion mimeticum* Schaeffer, 1905 (1, 1)
^*Ironeus duplex* Bates, 1872 (3, 1)
^*I. pulcher* Bates, 1880 (6, 2)
^*Megapsyrassa atkinsoni* Chemsak y Giesbert, 1986 (2, 1)
^*M. linsleyi* Chemsak y Giesbert, 1986 (3, 2)
^*Metironeus hovorei* Chemsak, 1991 (19, 2)
^*Micropsyrassa doyeri* Chemsak y Giesbert, 1986 (21, 2)
^*M. pilosella* (Bates, 1892) (12, 2)
^*Pseudoperiboeum subarmatum* Linsley, 1935 (18, 4)
^*Psyrassa basicornis* Pascoe, 1866 (13, 3)
^*P. cylindricollis* Linsley, 1935 (10, 2)
^*P. levicollis* Chemsak y Noguera, 1993 (16, 3)
^*P. megalops* Chemsak y Noguera, 1993 (2, 1)
^*P. nigricornis* Bates, 1892 (3, 1)
^*P. nigroaenea* Bates, 1892 (7, 3)
^*P. sthenias* Bates, 1892 (24, 5)
^*Stenospheus languroides nitidicollis* Linsley, 1935 (1, 1)
^*S. maccartyi* Giesbert y Chemsak, 1989 (8, 2)
^*S. proruber* Giesbert y Chemsak, 1989 (2, 1)
^*S. trispinosus* Bates, 1872 (5, 2)
^*Stizocera plicicollis* (Germar, 1824) (1, 1)

- ^*S. submetallica* (Chemsak y Linsley, 1968) (14, 4)
 ^*Trichophoroides decipiens* (Bates, 1880) (2, 1)
 Hesperophanini
 ^*Xeranoplium bicolor* Chemsak y Linsley, 1963 (5, 1)
 ^*X. pubescens* Chemsak y Giesbert, 1986 (8, 2)
 ^*X. puncticolle* Chemsak y Linsley, 1963 (5, 3)
 Hexoplonini
 ^*Stenygra histrio* Audinet-Serville, 1834 (2, 1)
 Hyboderini
 ^*Pachymerola ruficollis* Giesbert, 1987 (6, 1)
 Lissonotini
 ^*Lissonotus flavocinctus* Dupont, 1836 (2, 1)
 Methiini
 ^*Coleomethia crinicornis* Hovore, 1987 (5, 1)
 Neoibidionini
 ^*Neocompsa agnosta* Martins, 1970 (1, 1)
 ^*N. alacris* (Bates, 1885) (10, 2)
 * *N. puncticollis puncticollis* (Le Conte, 1873) (1)
 Obriini
 ^*Obrium discoideum* (LeConte, 1873) (7, 1)
 ^*O. giesberti* Hovore y Chemsak, 1980 (8, 1)
 * *O. maculatum* (Olivier, 1795) (2)
 Rhinotragini
 ^*Ameriphoderes amoena* Chemsak y Linsley, 1979 (1, 1)
 ^*A. cribricollis* Bates, 1892 (7, 2)
 ^*A. suavis* Bates, 1885 (1, 1)
 ^*Forficuladeres sexualis* Linsley, 1934 (1, 1)
 ^*Odontocera aurocincta* Bates, 1873 (7, 1)
 Rhopalophorini
 ^*Rhopalophora lineicollis* Chevrolat, 1859 (4, 1)
 ^*R. miniaticollis* Chevrolat, 1859 (3, 1)
 ^*R. rugicollis* (Le Conte, 1858) (5, 1)
 Smodicini
 * *Smodicum pacificum* Linsley, 1934 (1)
 Tillomorphini
 ^*Euderces nelsoni* Chemsak, 1969 (13, 1)
 * *E. pulchra* (Bates, 1874) (1)
 Trachyderini
 ^*Axestoleus quinquepunctatus* Bates, 1892 (10, 3)
 * *Ischnocnemis caerulescens* Bates, 1885 (1)
 * *I. sexualis* Bates, 1885 (1)
 * *Sphaenothecus trilineatus* Dupont, 1838 (2)
 ^*Stenobatyle eburata* (Chevrolat, 1862) (8, 4)
 ^*S. gracilis* Chemsak, 1980 (5, 1)
 ^*S. miniatocollis* (Chevrolat, 1862) (3, 1)
 ^*S. prolixa* (Bates, 1892) (5, 2)
 ^*Trachyderes (Dendrobias) mandibularis* Dupont in Audinet-Serville, 1834 (3, 1)
 * *Tylosis puncticollis* Bates 1885 (1)
 Lamiinae
 Acanthocinini
 * *Anisopodus mexicanus* Bates, 1881 (1)
 ^*Atrypanius conspersus* (Germar, 1824) (5, 1)
 ^*A. implexus* (Erichson 1847) (5, 2)
 ^*Baryssinus chemsaki* Monné, 1985 (1, 1)
 ^*Eutrichillus comus* (Bates, 1881) (5, 1)
 ^*Lagocheirus obsoletus* Thomson, 1861 (18, 2)
 ^*Leptostylus cretatellus* Bates, 1863 (9, 1)
 ^*Leptostylus* sp. (3, 2)
 ^*Leptostylus* sp. (1, 1)
 ^*Lepturges angulatus* (LeConte, 1852) (7, 2)
 ^*L. limpidus* Bates, 1872 (4, 2)
 ^*L. macilentus* Bates, 1881 (1, 1)
 ^*Lepturges* sp. (1, 1)
 ^*Lepturges* sp. (2, 2)
 ^*Mecotartarus antennatus* Bates, 1872 (5, 2)
 ^*Olenosus serrimanus* Bates, 1872 (1, 1)
 ^*Ozineus cribripennis* Bates, 1885 (3, 3)
 * *Urgleptes* sp. (1)
 ^*Acanthocinini* sp. (1, 1)
 Acanthoderini
 ^*Acanthoderes ramirezi* Chemsak y Hovore, 2002 (9, 2)
 ^*Aegomorphus albosignus* Chemsak y Noguera, 1993 (5, 1)
 ^*A. chamelae* Chemsak y Giesbert, 1986 (10, 2)
 * *Oreodera brailovskyi* Chemsak y Noguera, 1993 (2)
 ^*O. glauca glauca* (Linnaeus, 1758) (1, 1)
 ^*Peritapnia pilosa* Chemsak y Linsley, 1978 (5, 2)
 ^*Psapharochrus borrei* (Dugés, 1885) (13, 4)
 Acrociniini
 ^*Acrocinus longimanus* (Linnaeus, 1758) (1, 1)
 Anisocerini
 * *Thryallis undatus* (Chevrolat, 1834) (1)
 Apomecynini
 * *Asyngenes* sp. (1)
 * *Bebelis mexicana* (Bates, 1885) (1)
 ^*Dorcasta dasycera* (Erichson in Schomburg, 1848) (2, 1)
 ^*Ptericoptus caudalis* Bates, 1880 (5, 3)
 Desmiphorini
 ^*Cymatonycha castanea* Bates, 1874 (3, 1)
 * *C. fasciata* Chemsak y Noguera, 1993 (2)
 ^*Desmiphora hirticollis* (Olivier, 1795) (3, 1)
 ^*Estoloides (Estoloides) chamelae* Chemsak y Noguera, 1993 (7, 1)
 ^*E. (Estoloides) scabraecaulis* Chemsak y Noguera, 1993 (11, 1)
 Hemilophini
 * *Cirrhicera basalis* Gahan, 1892 (1)
 ^*Essostrutha binotata* Bates, 1881 (1, 1)
 ^*E. laeta* (Newman, 1840) (15, 10)
 Monochamini
 ^*Neoptychodes trilineatus* (Linnaeus, 1771) (6, 2)
 ^*Plagiohammus imperator* (Thomson, 1868) (1, 1)
 Onciderini
 ^*Lochmaeocles pseudovestitus* Chemsak y Linsley, 1988 (11, 9)
 ^*Oncideres albomarginata chamela* Chemsak y Giesbert, 1986 (1, 1)
 ^*O. rubra* Franz, 1959 (1, 1)
 Pogonocherini
 ^*Ecyrus lineicollis* Chemsak y Linsley, 1975 (6, 1)
 * *Poliaenus herperus* Chemsak y Linsley, 1988 (1)
 Pteropliini
 ^*Ataxia alpha* Chemsak y Noguera, 1993 (11, 2)
 Tapeinini

Tapeina transversifrons transversifrons Thomson, 1857 (3, 1)

Tetraopini

Phaea juanita Chemsak y Linsley, 1988 (1, 1)

* *P. maryanae* Chemsak 1977 (1)

P. maxima Bates, 1881 (1, 1)

P. rufiventris Bates, 1872 (1, 1)

P. vitticollis Bates, 1872 (3, 1)

* *Tetraopes discoideus* LeConte, 1858 (1)

Material suplementario

Se puede consultar material suplementario a este artículo en su versión electrónica disponible en [doi:10.1016/j.rmb.2017.01.014](https://doi.org/10.1016/j.rmb.2017.01.014).

Referencias

- Bezark, L.G. (2016). *Checklist of the Oxypeltidae, Vesperidae, Disteniidae and Cerambycidae, (Coleoptera) of the Western Hemisphere. Edición 2016*, 492 [consultado 10 Jul 2016]. Disponible en: <https://apps2.cdfa.ca.gov/publicApps/plant/bycidDB/wdefault.asp>
- Bullock, S. H. (1986). Climate of Chamela, Jalisco, and trends in the south coastal region of Mexico, Archives for Meteorology. *Geophysics and Bioclimatology*, 36, 297–316.
- Bullock, S. H. (1988). Rasgos del ambiente físico y biológico de Chamela, Jalisco, México. *Folia Entomológica Mexicana*, 77, 5–17.
- Bullock, S. H. y Solís-Magallanes, J. (1990). Phenology of canopy trees of a tropical deciduous forest in Mexico. *Biotropica*, 22, 22–35.
- Ceccarelli, F. S., Sharkey, M. J. y Zaldívar-Riverón, A. (2012). Species identification in the taxonomically neglected, highly diverse, Neotropical parasitoid wasp genus *Notiospathius* (Braconidae: Doryctinae) based on an integrative molecular and morphological approach. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 62, 485–495.
- Chemsak, J. A. (1978). Review of the genus *Essostrutha* Thomson. *The Pan-Pacific Entomologist*, 54, 125–128.
- Chemsak, J. A. y Hovore, F. T. (2002). New Mexican and Central American species of Acanthoderini with notes on others, part 2. (Coleoptera, Cerambycidae, Lamiinae). *Les Cahiers Magellanes*, 16, 1–27.
- Chemsak, J. A., Linsley, E. G. y Hovore, F. T. (1988). A concentration site for Cerambycidae in Jalisco, Mexico (Coleoptera). *The Pan-Pacific Entomologist*, 64, 291–292.
- Chemsak, J. A. y Noguera, F. A. (1993). Annotated checklist of the Cerambycidae of the Estación de Biología Chamela, Jalisco, Mexico (Coleoptera), with descriptions of new genera and species. *Folia Entomológica Mexicana*, 77, 123–140.
- Cline, A. R. y Huether, J. P. (2011). Revision of the nearctic blister beetle genus *Tricrania* LeConte, 1860 (Coleoptera: Meloidae: Nemognathinae). *Zootaxa*, 2832, 1–43.
- Davis, G. A., Havill, N. P., Adelman, Z. N., Caccone, A., Kok, L. T. y Salom, S. M. (2011). DNA barcodes and molecular diagnostics to distinguish an introduced and native *Laricobius* (Coleoptera: Derodontidae) species in eastern North America. *Biological Control*, 58, 53–59.
- Di Iorio, O. R. (1995). The genus *Neoclytus* Thomson, 1860 (Coleoptera: Cerambycidae: Clytini) in Argentina. *Insecta Mundi*, 9, 335–346.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R. y Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3, 294–299.
- Giesbert, E. F. (1989). A new species and new record in the genus *Neoclytus* Thomson (Coleoptera: Cerambycidae) for Panama. *The Coleopterists Bulletin*, 43, 269–273.
- Gregory, T. R. (2005). DNA barcoding does not compete with taxonomy. *Nature*, 434, 1067.
- Hebert, P. D. N. y Gregory, T. R. (2005). The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic Biology*, 54, 853–859.
- Hebert, P. D. N., Ratnasingham, S. y de Waard, J. R. (2003). Barcoding animal life: cytochrome oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270, S96–S99.
- Ivanova, N. V., Dewaard, J. R. y Hebert, P. D. N. (2006). An inexpensive, automation-friendly protocol for recovering high-quality DNA. *Molecular Ecology Notes*, 6, 998–1002.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16, 111–120.
- Lanteri, A. 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.
- Linsley, E. G. (1961). The Cerambycidae of North America. Part I. Introduction. *University of California Publications Entomology*, 18, 1–135.
- Noguera, F. A. (2002). Revisión taxonómica de las especies del género *Eburia* Lepeletier y A. Serville in Lacordaire de Norte y Centroamérica. *Folia Entomológica Mexicana*, 41, 1–167.
- Noguera, F. A. (2014). Biodiversidad de Cerambycidae (Coleoptera) en México. *Revista Mexicana de Biodiversidad (Suplem.)*, 85, S290–S297.
- Noguera, F. A., Vega, J. H., García, A. N. y Quesada, M. (2002). *Historia natural de Chamela*. México, D.F.: Instituto de Biología, UNAM.
- Padial, J. M. y de La Riva, I. (2010). A response to recent proposals for integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 101, 747–756.
- Raupach, M. J., Astrin, J. J., Hannig, K., Peters, M. K., Stoeckle, M. Y. y Wägele, J. W. (2010). Molecular species identification of Central European ground beetles (Coleoptera: Carabidae) using nuclear rDNA expansion segments and DNA barcodes. *Frontiers in Zoology*, 7, 1–15.
- Sturm, J. (1843). *Catalog der Kaefer-Sammlung von Jacob Sturm*. Nürnberg: Verfasser.
- Švácha, P. y Lawrence, J. F. (2014). Cerambycidae Latreille, 1802. En R. A. B. Leschen y R. G. Beutel (Eds.), *Handbook of zoology. Arthropoda: Insecta. Coleoptera, Beetles* (pp. 77–177). Berlin: De Gruyter.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipksi, A. y Kumar, S. (2013). MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30, 2725–2729.
- Tippmann, F. F. (1960). Studien über neotropische longicornier III (Coleoptera, Cerambycidae). *Koleopterologische Rundschau*, 37, 82–217.
- Toledo, V. H. (1997). Revisión taxonómica del género *Lagocheirus* para México y Centroamérica. *Folia Entomológica Mexicana*, 101, 1–58.
- Toledo, V. H. (2005). Revisión taxonómica del género *Psyrassa* Pascoe (Coleoptera: Cerambycidae). *Acta Zoológica Mexicana (n.s.)*, 21, 1–64.