

# APLICACIONES DE GENÉTICA ECOLÓGICA EN POBLACIONES DE INSECTOS

## ¿Qué nos permiten conocer los marcadores del ADN sobre la dinámica de especies invasoras y nativas?

Carolina Soliani<sup>1\*</sup>; Gerardo de la Vega<sup>2</sup>; M. Victoria Lantschner<sup>2</sup>; Andrés Martínez<sup>2</sup>; Maité Masciocchi<sup>2</sup>; Ana Laura Pietrantuono<sup>2</sup>; Agustina Porrino<sup>2</sup>; Leonel Stazione<sup>2</sup> y Juan Corley<sup>2</sup>

<sup>1</sup>INTA EEA Bariloche, IFAB (INTA-CONICET). Área Forestal, Grupo de Genética Ecológica y Mejoramiento Forestal.

<sup>2</sup>INTA EEA Bariloche, IFAB (INTA-CONICET). Área Forestal, Grupo de Ecología de Poblaciones de Insectos (GEPI).

\*soliani.carolina@inta.gob.ar

---

**La ecología y la genética de poblaciones brindan herramientas de estudio que nos permiten conocer aspectos biológicos clave para entender la dinámica poblacional de los insectos dentro de un ecosistema. Esta información es fundamental para desarrollar estrategias de control eficientes y sustentables de los insectos plaga.**

---

Conocer la dinámica poblacional de los insectos, tanto nativos como invasores, es relevante en cualquier ecosistema, más aún cuando generan impactos económicos y ecológicos no deseados. El cambio global y el aumento de las actividades productivas y la explotación de los recursos

naturales están afectando las poblaciones de los seres vivos, drásticamente. En este complejo escenario, ciertas especies de insectos pueden devenir en plagas afectando los ecosistemas naturales y/o sistemas productivos.

Una plaga es una especie que perjudica a otros organismos, genera un daño en un sistema productivo o un sistema natural, es capaz de reproducirse y dispersarse rápidamente, y puede adaptarse a múltiples hábitats.

La incorporación de herramientas genéticas es muy útil para conocer nuevos aspectos de la dinámica de las poblaciones de insectos, como la distribución geográfica de su **diversidad genética**. Como la palabra lo indica, "diversidad" hace referencia a la cantidad, composición y frecuencia de las variantes presentes en el ADN, es decir el material hereditario de los seres biológicos. La distribución de las variantes se refiere a los lugares geográficos donde ocurren, de

dónde provienen y hacia dónde podrían dispersarse. En esta diversidad reside la capacidad de una especie de responder y adaptarse a los cambios ambientales.

Para comprender la relación entre la diversidad en un conjunto de poblaciones y las características ecológicas y comportamentales de una especie, se identifican "**marcadores del ADN**". Estos son partes específicas de la información genética de un organismo, que varían

y son comparables dentro y entre las especies. Para identificarlos, el primer paso consiste en aislar y purificar las moléculas de ADN separándolas de los otros compuestos que forman parte de los tejidos que son objeto de análisis. Luego,

mediante electroforesis se separan las distintas variantes (marcadores de ADN) y finalmente a través de diversas técnicas de laboratorio se identifican las variantes a partir de la "lectura" de secuencias de ADN (Figura 1).

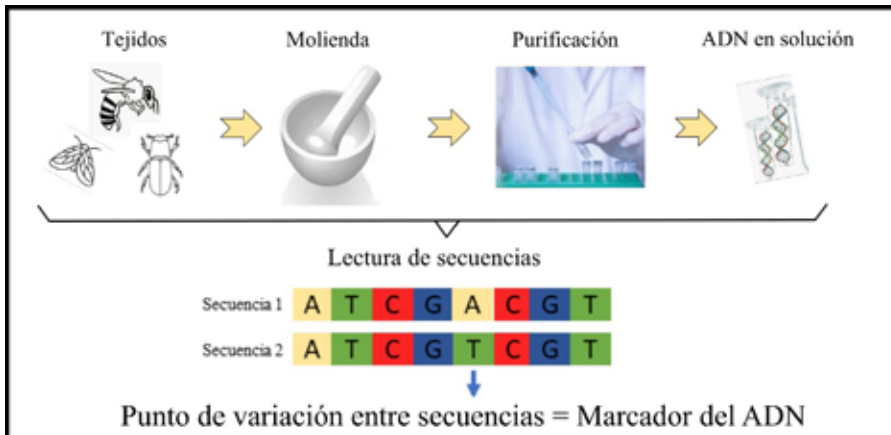


Figura 1: De la maceración del tejido de un insecto, al aislamiento del ADN en el laboratorio. La lectura de la secuencia de bases nitrogenadas que componen el ADN (A, T, C o G) y la consiguiente identificación del marcador, se realiza con un equipo altamente complejo, denominado "secuenciador de ADN".

En el INTA Bariloche llevamos adelante líneas de investigación relacionadas con el monitoreo y control de plagas en la región Patagónica, y con la caracterización de la diversidad genética de insectos. Mediante casos de estudio, ejemplificaremos el uso de estas técnicas para incrementar nuestros conocimientos y avanzar en el manejo sustentable de los recursos naturales.

### 1. Identificación de especies

La identificación de especies de insectos mediante la taxonomía clásica (es decir analizando características morfológicas de los individuos) puede ser, en muchos casos, incierta. En este sentido, el desarrollo de marcadores genéticos para discriminarlas ha permitido mejorar la precisión. La identificación genética se basa en conocer variantes estables del ADN, o sea que no cambian (o cambian poco) de un individuo a otro de una misma

especie ni a lo largo del tiempo, mientras que sí difieren significativamente entre individuos de diferentes especies. Para poder llevar adelante la identificación, la secuencia obtenida en el insecto de interés se compara con una de referencia de un banco de datos genéticos.

Estamos utilizando esta técnica para la identificación de enemigos naturales de la "mosca de alas pintadas", *Drosophila suzuki* (Figura 2A), como posibles agentes de control biológico (los que atacan y matan a otros insectos). Esta mosca exótica es una de las plagas más relevantes de la fruta fina y con mayor impacto económico en la región patagónica. Hasta el momento, la herramienta empleada ha resultado útil para la identificación específica de grupos taxonómicos complejos (Figura 2B). Utilizar especies residentes como controladores biológicos, en lugar de introducir nuevos organismos, es una estrategia sustentable de manejo de plagas.

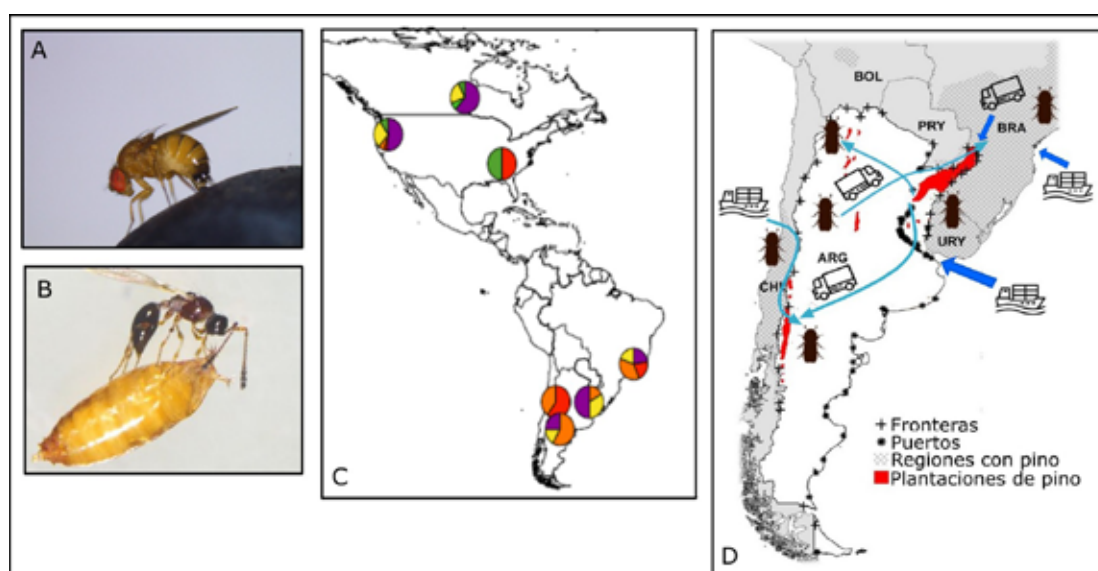
## 2. Reconstrucción de rutas y eventos de invasión de plagas

Reconstruir la historia de invasión de especies introducidas accidentalmente resulta de gran importancia para entender cómo fue el proceso y predecir el riesgo de futuras invasiones. A partir de la diversidad de variantes del ADN se identifican grupos con mayor o menor parecido entre sí (linajes genéticos) y que remiten a variantes antecesoras en común. La comparación de la diversidad genética de áreas invadidas con respecto a la distribución de los linajes genéticos en su área de origen, permite inferir las vías de ingreso de una plaga y el número posible de eventos de invasión que ocurrieron.

Aplicamos esta técnica para conocer las rutas de invasión de la mosca de alas pintadas en Argentina. Este estudio nos permitió identificar poblaciones argentinas de la mosca que comparten variantes genéticas con los países de los cuales importamos fruta fina (Brasil y Estados Unidos; Figura 2C). En los años previos al arribo de la mosca a

la región, no se registraron importaciones de fruta desde Europa, lo que explica que no existan variantes europeas del ADN en el país. La presencia de variantes únicas en ciertas regiones geográficas, o de variantes distribuidas en áreas no interconectadas dentro del flujo de comercio interior, indicarían la existencia de múltiples e independientes eventos de introducción.

Esta misma aproximación se utiliza para entender las rutas de invasión de escarabajos de la corteza que colonizan plantaciones de pinos del Cono Sur. Este es un grupo de plagas forestales muy diverso, que arriban al país principalmente en embalajes de madera utilizados en el comercio internacional. Utilizando marcadores del ADN se espera conocer la variación genética de las poblaciones de especies que han invadido los países del Cono Sur (Figura 2D) y, entre otros aspectos, comprender el éxito de su capacidad invasora y dimensionar el potencial impacto económico sobre la actividad forestal de la región.



### 3. Diversidad genética de especies nativas

Evaluando de manera conjunta la distribución y distancia geográfica donde ocurren las variantes del ADN, estamos caracterizando la diversidad genética de las poblaciones de *Perzelia arda* a lo largo del gradiente de precipitaciones. Este insecto es una polilla nativa (Figura 3A), cuyas larvas se alimentan de las semillas y hojas de árboles del género *Nothofagus* del bosque andino-patagónico (Figura 3B). Estudios previos han demostrado que puede llegar a dañar más del 90% de las semillas producidas por un árbol, considerándose así, una especie perjudicial

en la reproducción de *Nothofagus*, tanto en Chile como en Argentina (Figura 3C).

Con la información generada, inferimos la capacidad que la especie tiene para moverse a nuevos ambientes y la presencia de barreras para la dispersión o la existencia de un antiguo aislamiento entre sus poblaciones.

Complementamos los patrones de diversidad de *P. arda* con patrones de comportamiento, brindando información valiosa en acciones de conservación y/o restauración de los bosques nativos.

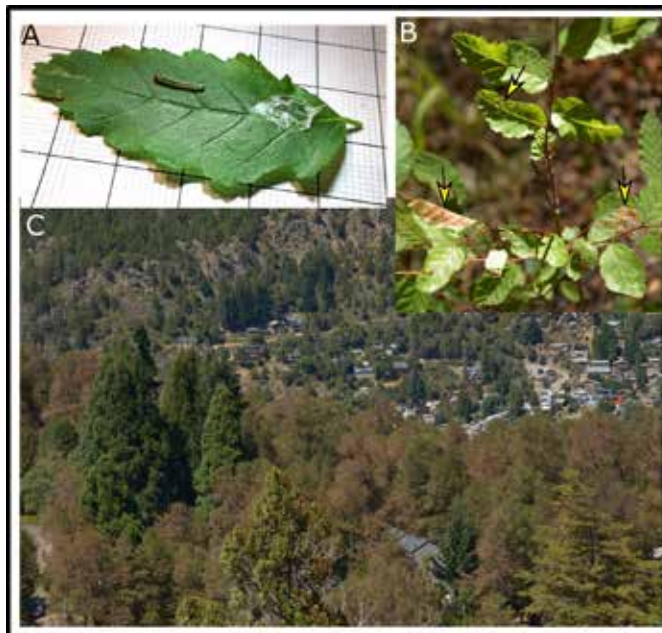


Figura 3: A- *Perzelia arda* en estadio larval sobre hoja de roble pellín (*Nothofagus obliqua*), B- Daño ocasionado en una planta joven de roble pellín; C- Vista aérea del daño causado por *P. arda* en el bosque de San Martín de los Andes, Neuquén (el tono otoñal del follaje es efecto del daño ocasionado por la polilla) (Fotografías: AL Pietrantuono).

### 4. Parentesco de insectos sociales

En insectos sociales (que viven en colonias con tareas compartidas), la etapa del apareamiento es muy diversa. La fecundación, es decir el evento de cruzamiento entre hembras reproductivas (princesas) y machos (zánganos), puede ocurrir dentro o fuera del nido, así como entre individuos con diferente grado de parentesco.

La avispa introducida *Vespula germanica*, conocida como "chaqueta amarilla" (Figura 4A), es una especie social con numerosos impactos negativos, tanto económicos y turísticos como ambientales. En esta especie la fecundación ocurre fuera del nido y generalmente los machos esperan a las hembras en agregaciones: una de las estrategias que favorece el encuentro. Los estudios genéticos que

realizamos en esta avispa permiten comprender su comportamiento reproductivo, caracterizar genéticamente a las hembras y los machos y evidenciar el grado de parentesco en los apareamientos, aspecto que aún se desconoce. Los marcadores del ADN ayudan también a establecer la procedencia de los machos

en relación con la ubicación de los nidos circundantes, y nos permiten conocer la diversidad genética de las poblaciones. Esta información es de utilidad para diseñar métodos apropiados para el manejo de sus poblaciones (Figura 4B, C).

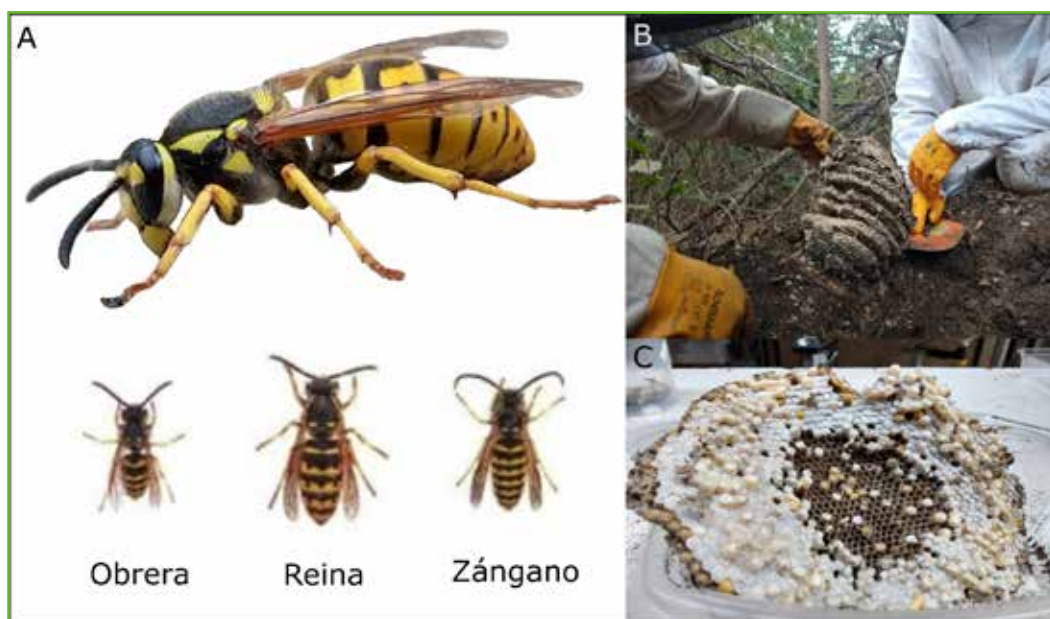


Figura 4: A- Ejemplar adulto de *V. germanica* y sus castas reproductivas. B- Excavación de un nido subterráneo de chaqueta amarilla. C- Interior de un nido, del que se obtienen larvas para su cría (Fotografías: A Porrino).

## Conclusión

Los estudios en marcha brindan información ecológica y genética de especies de insectos exóticos y nativos presentes en la región Patagónica, así como de sus enemigos naturales. Las herramientas actuales de la genética permiten obtener información importante para el manejo de insectos, tales como la identificación de las especies, la reconstrucción de rutas y eventos de invasión, la diversidad genética y

distribución de la variación, y el parentesco entre individuos. Esta información nos ayuda a comprender la dinámica de las poblaciones y predecir cómo podrían responder ante cambios ambientales (por ejemplo, ante disturbios naturales o cambios generados por actividades humanas), así como también a optimizar las prácticas de manejo y control de las plagas presentes y prevenir la introducción de nuevos organismos potencialmente perjudiciales.