



***Paropsisterna* sp. (Coleoptera, Chrysomelidae, Chrysomelinae) sobre *Eucalyptus* sp. (Myrtaceae) a Northam (Western Australia, Australia). Foto: José A. Jurado-Rivera**

**Uns investigadors de la UIB posen a punt tècniques
moleculars que permeten conèixer de forma ràpida i exacta
què mengen els herbívors invertebrats**

Els resultats de la recerca han estat publicats a la revista *Proceedings
of The Royal Society*

Una nova tècnica d'anàlisi molecular posada a punt per investigadors de la UIB permet conèixer de forma ràpida i exacta quina és la dieta dels invertebrats herbívors sense necessitat d'observar-los al camp ni fer complicats estudis morfològics i/o químics dels continguts estomacals.

La metodologia, posada a punt a partir d'un nombrós grup de coleòpters australians, els crisomèlids, ha estat publicada ara a la revista *Proceedings of The Royal Society B*. El mètode d'extracció de DNA permet identificar les relacions tròfiques entre herbívors i vegetals, una informació que és cabdal en la comprensió del funcionament dels ecosistemes, a l'hora de prendre mesures en política de conservació i a l'hora d'establir relacions de coevolució entre plantes i animals.

La recerca forma part de la tesi de José A. Jurado-Rivera, membre del Departament de Biologia de la UIB, i ha estat supervisada pel doctor Eduard Petitpierre, catedràtic de Genètica de la UIB, i pel doctor Jesús Gómez-Zurita, de l'Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF). En la recerca hi han participat Alfried P. Vogler, del Departament d'Entomologia del Museu d'Història Natural de Londres, i Chris A. M. Reid, del Departament d'Entomologia del Museu Australià.

Introducció

Aclarir què menja exactament un animal herbívor no sempre és una tasca fàcil, sobretot si l'animal és de petites dimensions i localitzar-lo i fer-ne el seguiment és complicat, com en el cas de molts insectes. I, no obstant l'anterior, esbrinar la relació tròfica entre els insectes herbívors i les plantes que consumeixen és una informació cabdal en ecologia i a l'hora d'aplicar polítiques de conservació. També ho és per entendre certs mecanismes d'especiació vinculats a canvis climàtics i de vegetació, és a dir, per abordar estudis de coevolució entre animals i plantes, i fins i tot també ho és en vessants més aplicats de la recerca. Tots aquests aspectes ecològics, evolutius i de conservació cobren encara més importància quan ens adonam que més de la meitat dels éssers vius existents són insectes, i que la majoria d'aquests s'alimenta del grup d'organismes amb més biomassa del nostre planeta: les plantes.

Comunament aquest tipus d'estudis sobre relacions tròfiques planta-insecte s'han establert per observació directa o per estudis morfològics i/o químics dels continguts estomacals. Aquests tipus d'estudis tenen un elevat risc d'inexactitud: hom pot establir algunes de les plantes que consumeix un animal però potser no totes i, a més, no sempre és possible identificar una espècie vegetal a partir de les restes que ja n'ha consumit un insecte.

Les noves tècniques moleculars i, en concret, l'obtenció i identificació de determinades seqüències de nucleòtids que permeten la seva atribució a una determinada espècie han permès capgirar la recerca en l'àmbit de les relacions tròfiques planta-animat. Així ho palesa la metodologia posada a punt per José A. Jurado-Rivera, investigador del Departament de Biologia de la UIB, en el marc de la seva tesi doctoral, que acaba de ser publicada a la revista *Proceedings of The Royal Society B*. El doctor Eduard Petitpierre, catedràtic de Genètica de la UIB, i el doctor Jesús Gómez-Zurita, de l'Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF), ambdós supervisors de la recerca duta a terme per José A. Jurado-Rivera, són signants de l'article, juntament amb Alfried P. Vogler, del Departament d'Entomologia del

Museu d'Història Natural de Londres, i Chris A. M. Reid, del Departament d'Entomologia del Museu Australià.

La recerca s'ha centrat en l'estudi de les relacions tròfiques entre un grup de coleòpters, concretament una subfamília dels crisomèlids, del continent australià i la seva vegetació. Austràlia acull més del 40 per cent dels gèneres de crisomelins existents en tot el món, i un total de 720 espècies. José A. Jurado-Rivera per fer l'estudi ha realitzat dues estades de diversos mesos a Austràlia, durant els anys 2005 i 2006. Es dona la circumstància que, a més, la biologia dels crisomèlids australians era molt poc coneguda, com ho palesa el fet que durant aquests anys de recerca s'han pogut localitzar aproximadament una vintena d'espècies noves encara no descrites per a la Ciència.



***Paropsisterna crocata* (Coleoptera, Chrysomelidae, Chrysomelinae) sobre *Corymbia* sp. (Myrtaceae) a Kingsbury Lookout (Western Austràlia, Austràlia). Foto: José A. Jurado-Rivera**

Extracció i obtenció selectiva del DNA vegetal

La metodologia emprada pel grup d'investigadors consisteix a extreure el DNA de la totalitat de l'insecte, en concret de les parts blanques de l'animal, deixant intacte l'exoesquelet. El que s'obté és no solament el DNA de l'animal, sinó també el de les plantes consumides per l'insecte. A continuació la tècnica consisteix a detectar les

seqüències de nucleòtids corresponents a l'anomenat intró trnL (UAA) del cloroplast, una regió la seqüència de la qual és distinta per a la majoria de les espècies vegetals. La detecció d'aquesta regió de DNA cloroplàstic es realitza mitjançant els anomenats encebadors, petits fragments de DNA que detecten els nucleòtids del començament de la seqüència cercada (els encebadors són iguals per a totes les espècies), s'aparellen amb les seves bases complementàries i mitjançant la reacció en cadena de la polimerasa, se sintetitza tota la cadena complementària que inicia l'encebador, perquè l'enzim va afegint nous desoxiribonucleòtids. Aquest procés es repeteix diverses vegades i el resultat és que d'una mostra molt petita de DNA se n'obté una més gran quantitat que conté, a més, les seqüències d'identificació que interessen. Aquestes seqüències obtingudes són després comparades en una base de dades en la qual per a cada espècie figura la corresponent seqüència (mètode del codi de barres genètic o *barcoding*). D'aquesta manera es pot saber amb exactitud a quina espècie o espècies vegetals correspon el DNA extret de l'insecte.

Tot i que les bases de dades actualment existents ja disposen de les seqüències de nucleòtids per a diversos marcadors moleculars per a moltes espècies vegetals del planeta, hi ha la possibilitat que la seqüència extreta emprant la metodologia esmentada no correspongui exactament a cap de les existents a la base de dades. En el treball ara publicat, els investigadors proposen un mètode d'identificació de l'espècie vegetal mitjançant una reconstrucció filogenètica. Per això es tenen en consideració les cent primeres seqüències més semblants a l'obtinguda o seqüència problema que ofereix la base de dades. Han fixat el nombre en cent perquè és una quantitat de seqüències suficientment informativa i no compromet gaire la velocitat computacional de les anàlisis. A partir de la seva comparació es pot obtenir un arbre evolutiu i detectar les seqüències evolutivament més pròximes a la seqüència problema. D'aquesta manera és possible conèixer almenys el gènere o la família de plantes a la qual pertany la seqüència problema. Una vegada conegut el grup taxonòmic en el qual s'enquadra la seqüència problema, i per simple comparança amb les espècies botàniques presents en l'àrea de col·lecta de l'insecte, és molt fàcil restringir el cercle de possibles plantes a una o diverses espècies.

Conèixer aquest tipus d'informació és essencial en els casos en què existeix un gran desconeixement sobre la biologia de l'animal, ja que a través de les espècies de les quals s'alimenta, l'animal pot ser trobat més fàcilment a la natura. La tècnica és efectiva fins i tot en cas que l'extracció es faci a partir d'un animal dessecat i antic d'una col·lecció ubicada en un museu i del qual, per exemple, no es tinguin notícies des de fa anys perquè no s'ha pogut retrobar al camp. Saber quines espècies menja l'animal en qüestió permet anar a cercar aquestes espècies al camp i augmenta la probabilitat de retrobar l'insecte. Així doncs, la nova metodologia pot ser de gran utilitat davant problemes que sorgeixen en biologia de conservació. A més, els coneixements derivats d'aquest tipus d'estudis serviran per seleccionar insectes els hàbits alimentaris dels quals els converteixen en bons candidats per al control biològic de plantes invasores i d'espècies vegetals plaga.

Els crisomelins australians

La hipòtesi actual sobre l'evolució dels crisomelins és que s'irradiaren a tot el planeta des de l'hemisferi sud. Aproximadament el 40 per cent dels crisomelins són endèmics del continent australià, i en importància quant a nombre d'espècies, segueixen Amèrica del Sud i Sud-àfrica.

La tècnica posada a punt per José A. Jurado-Rivera i la resta d'investigadors ha permès no sols conèixer els vegetals que consumeixen els crisomelins australians, sinó confegir a partir de l'anàlisi del material genètic les relacions evolutives de les diferents espècies d'insectes en relació amb les distintes espècies vegetals. Així, per exemple, els investigadors han pogut palesar que, en general, determinats grups de crisomèlids s'alimenten d'una família o famílies molt concretes de plantes. No obstant això, la tècnica ha pogut demostrar l'existència de canvis evolutius en determinades èpoques. Així per exemple, es pot datar quan una espècie adaptada fins aleshores a una alimentació molt estricta, sempre a partir de les mateixes espècies de plantes, passa a diversificar la seva nutrició gràcies a l'aparició d'una adaptació a l'atzar d'alguna part de la població que li ha permès explotar plantes absolutament distintes.

De fet, a Austràlia la fauna de crisomelins es pot separar en dos grans grups en relació amb les seves relacions tròfiques. Un grup s'alimenta d'espècies pròpies dels boscs humits, mentre que un segon grup de gèneres i espècies amb un alt grau d'endemicitat s'alimenten d'espècies pròpies dels boscs d'acàcies i dels boscs d'eucaliptus, molt més xèrics. Filogenèticament les espècies de boscs humits són més antigues que les de boscs més àrids, són relictos d'èpoques anteriors al Cenozoic, justament quan el canvi del clima provocà una adaptació d'un llinatge d'aquests que presumiblement s'ha anat diversificant donant lloc a multitud d'espècies endèmiques.

Referència del treball

Jurado-Rivera, J.A., Vogler, A.P., Reid, C.A.M., Petitpierre, E. i J. Gómez-Zurita, 2008. DNA barcoding insect–host plant associations. *Proc. R. Soc. B*.

<http://journals.royalsociety.org/content/901wr7tp18x3781t/>