



**DELIMITACIÓN DE ESPECIES POR MÉTODOS MOLECULARES: ESTUDIO DE CASO DEL GÉNERO *Tyrophagus* (ACARI: ACARIDAE). ¿CUÁNTAS ESPECIES EXISTEN REALMENTE?**

**P. Murillo<sup>1,2</sup>, P. Klimov<sup>1</sup> & B. OConnor<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Michigan, USA; <sup>2</sup>Laboratorio de Acarologia-CIPROC, Universidad de Costa Rica, San Pedro, Costa Rica.

Actualmente el género *Tyrophagus* incluye alrededor de unas 35 especies reconocidas, las cuales en su mayoría presentan una distribución mundial. Sin embargo, es este el número de especies que se puede encontrar en un género tan cosmopolita?. Los caracteres morfológicos utilizadas hasta ahora para diferenciar entre las especies de este grupo son, en muchos de los casos, muy sutiles y difíciles de percibir entre especies cercanas. Por esta razón, es preciso utilizar otro tipo de técnicas, como métodos moleculares, para poder detectar eventos de especiación recientes en grupos complejos como es el caso de *Tyrophagus*. Los análisis para la delimitación de las especies presentan la ventaja de detectar eventos de especiación y revelan especies crípticas que de otra manera serían difíciles de identificar. Para realizar los distintos análisis moleculares durante esta investigación, se utilizaron un gen mitocondrial (COI), 2 genes ribosomales (18S, 28S) y 2 genes nucleares (EF1A, HSP70). La delimitación de las especies se llevó a cabo por medio de los programas ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery) y BPP (Bayesian Phylogenetics and Phylogeography). Asimismo, se ensambló un árbol filogenético por medio del programa \*BEAST para evaluar las probabilidades posteriores de cada una de las especies agrupadas. Los resultados mostraron una estructura genética compleja con seis grupos divergentes para las poblaciones de *T. putrescentiae* s. lat. Además de esta especie se pudo separar a las especies *T. curvipenis*, *T. fanetzhangorum*, *T. longior*, *T. perniciosus* y *T. similis*; así como otras nuevas especies. Todos los linajes, a excepción de *T. putrescentiae* (con 0,16-0,82), presentaron probabilidades posteriores mayores a 0.988. Los resultados revelan la presencia de especies crípticas cercanas a *T. putrescentiae*, así como la separación de especies ya conocidas y la presencia de nuevas especies para la ciencia dentro de este género.

Palabras clave: especies crípticas, separación de especies, análisis moleculares, estructura genética.

Financiamento: Rackham-UM, CONICIT, EEB-UM.