

Resumen

La familia Tabanidae está distribuida alrededor de casi todo el mundo y es conocida por incluir vectores de enfermedad humanas y animales, como la tripanosomiasis, lo que causa un gran impacto económico y social en la industria ganadera debido a daños directos en el animal como por las molestias posteriores que generan. El estudio se centró en mejorar la identificación de los insectos pertenecientes a esta familia para fortalecer y adaptar estrategias de control efectivas. Se utilizó una visualización con estereomicroscopio en conjunto con claves dicotómicas establecidas para Tabanidae. Posteriormente, se optimizó un protocolo de extracción de ácido desoxirribonucleico utilizando el kit Wizard de Promega diseñado para tejido animal de cola de ratón, con resultados que indican una pureza A260/A230 de 1.812 ± 0.113 , pureza A260/A280 de 1.143 ± 0.391 y una concentración promedio de 756.93 microgramos por mililitro de ácido desoxirribonucleico. Se desarrolló un análisis utilizando técnicas moleculares para amplificar el gen ribosomal 28S en insectos, y se identificó la presencia de amplicones en los 10 especímenes. Finalmente, se llevó a cabo una inferencia filogenética utilizando secuencias del gen 28S obtenidas de una base de datos. Este estudio ha permitido optimizar un protocolo completo de extracción de material genético y amplificación para la identificación de la familia Tabanidae, utilizando el marcador molecular 28S en muestras recolectadas en diversas regiones del Ecuador, incluyendo la costa, la sierra y el oriente, lo que contribuye significativamente al conocimiento y manejo de esta familia de insectos de importancia médica y agrícola.

Palabras clave: Tabanidae, 28S, filogenia

Abstract

The family Tabanidae is distributed throughout most of the world and is known to include vectors of human and animal diseases, such as trypanosomiasis, which causes a great economic and social impact on the livestock industry due to direct damage to the animal and subsequent discomfort. The study focused on improving the identification of insects belonging to this family to strengthen and adapt effective control strategies. Stereomicroscopic visualization was used in conjunction with established dichotomous keys for Tabanidae. Subsequently, a deoxyribonucleic acid extraction protocol was optimized using Promega's Wizard kit designed for mouse tail animal tissue, with results indicating A260/A230 purity of 1.812 ± 0.113 , A260/A280 purity of 1.143 ± 0.391 an average concentration of 756.93 micrograms per milliliter of deoxyribonucleic acid. Analysis using molecular techniques was developed to amplify the 28S gene in insects, and the presence of amplicons was identified in all 10 specimens. Finally, phylogenetic inference was carried out using 28S gene sequences obtained from a database. This study has allowed us to optimize a complete protocol for the extraction of genetic material and amplification for the identification of the Tabanidae family, using the 28S molecular marker in samples collected in various regions of Ecuador, including the coast, the mountains and the east, which contributes significantly to the knowledge and management of this family of insects of medical and agricultural importance.

Key words: Tabanidae, 28S, phylogenetic