**Desentrañando la composición floral de la miel de las abejas amazónicas mediante metabarcodificación del ADN de plantas en miel**

**Ariel Zambrano1\***, Nina Espinosa de los Monteros-Silva1,2,3, Silvia Llerena1,3, María Cristina Peñuela1,3.

1Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Regional Amazónica Ikiam, Km 7 ½ vía Muyuna, Tena 150150, Ecuador.

2Grupo de Descubrimiento de Biomoléculas, Laboratorio de Biología Molecular y Bioquímica, Ikiam.

3 Grupo de Ecosistemas Tropicales y Cambio Global –ECoTroCG, Ikiam

\*Autor de correspondencia: [ariel.zambrano@est.ikiam.edu.ec](mailto:ariel.zambrano@est.ikiam.edu.ec)

Ecuador presenta una gran biodiversidad de especies cuyas interacciones proveen servicios ecosistémicos como la polinización, la cual es particularmente importante entre abejas sin aguijón (ABSA) y angiospermas. Actividades antrópicas como la deforestación y el cambio de uso de ecosistemas han generado la pérdida de al menos 25% de las abejas en el mundo, que son responsables del 85% de la polinización de cultivos y de especies de plantas necesarias para los ecosistemas. Por esta razón, es urgente conocer las relaciones entre plantas y sus polinizadores mediante técnicas moleculares que garanticen resultados certeros. Así, el objetivo de esta investigación es estandarizar dichos métodos para identificar las flores relacionadas a la producción de miel de tres especies de ABSA. La toma de muestras de miel de *T. angustula*, *M. fasciculata* y *M. fuscopilosa* en tres sitios diferentes de las comunidades de Chontapunta. Luego, para las muestras de plantas y miel se estandarizarán métodos de extracción de ADN por protocolos CTAB, amplificación por PCR con primers ITSu1/ITSu4, rbcLaF/rbcLaR y matKF/matKR, purificación y secuenciación Sanger del ADN de tejido vegetal y secuenciación de nueva generación en Oxford Nanopore del ADN de muestras de miel. Por un lado, en los productos de PCR con ADN de plantas mostraron un 73.02% de amplificación del gen ITS, 84,12% con rbcL y 39,68% con matK. Por otro lado, las extracciones de ADN de miel de las tres especies de ABSA presentaron resultados de concentración e índice de pureza 260/280 promedios de 37,43±18,60 ng/uL y 1,783±0,079, respectivamente. Además, de presentar amplificación con primers del gen cloroplastidico rbcL perteneciente a plantas. Los resultados sugieren que el ADN extraído de miel puede considerarse viable para secuenciación y posterior comparación con el ADN secuenciado de plantas. Las identificaciones de las especies de plantas dentro de la miel contribuirán a el reconocimiento de las relaciones planta-abeja y a su posterior conservación.

**Palabras clave:** Servicios ecosistémicos, equilibrio ambiental, técnicas moleculares, extracción de ADN, redes interactivas y abeja-planta

Evaluacrion