

UNIVERSIDAD REGIONAL AMAZÓNICA IKIAM

Autor: Sergio Cristian Rivera Lara

Tutor: Roquer Guillermo Rivas Párraga

Docente: Rodrigo Espinosa

Título de mi Tesis:

Diversidad genética de *Hermétia illucens* en las regiones costa y amazonía de Ecuador
Objetivo general

Fecha: 27/05/2026

1. Un Resumen de mi Tesis

Diversidad genética de *Hermetia illucens* en las regiones costa y amazonía de Ecuador

Objetivo general

Evaluar la diversidad genética de las poblaciones de *Hermetia illucens* presente en las
Evaluar la diversidad genética de poblaciones silvestres y/o semi-silvestres de *Hermetia illucens* (mosca soldado negra, BSF) en las regiones Costa y Amazonía de Ecuador mediante marcadores moleculares (ej. COI, microsatélites o SNPs), y analizar posibles diferencias adaptativas entre estas regiones biogeográficas.

Justificación del Problema

Hermetia illucens es una especie clave para la bioconversión de residuos orgánicos en proteína de alto valor (larvas ricas en proteínas y lípidos), fertilizantes y otros subproductos, contribuyendo a la economía circular, la gestión de residuos y la seguridad alimentaria. Originaria del Neotrópico (probablemente Sudamérica), presenta una distribución cosmopolita influida por dispersiones antrópicas, pero con estructura poblacional significativa a nivel global.

En Ecuador, los estudios preliminares se han centrado principalmente en poblaciones del Chocó (Puerto Quito y Nanegalito), caracterizando marcadores moleculares (COI, ITS2, 28S rDNA) y evaluando su capacidad de degradación de residuos, incluso con microplásticos. Sin embargo, existe un vacío importante sobre la diversidad genética en la Costa (regiones de clima seco a húmedo) y la Amazonía (bosque húmedo tropical), zonas con condiciones ambientales contrastantes que podrían promover diferenciación genética o adaptaciones locales (por ejemplo, a temperatura, humedad, tipos de sustratos o estrés por contaminantes)

Ecuador, como país megadiverso con barreras geográficas como los Andes, es un hotspot ideal para estudiar variabilidad intraespecífica y posibles linajes crípticos. Comprender esta diversidad es esencial para: (1) identificar germoplasma local adaptado para cría masiva sostenible; (2) evitar pérdida de diversidad por introducción de cepas comerciales uniformes (a menudo derivadas de una fuente norteamericana); y (3) evaluar riesgos de introgresión entre poblaciones silvestres y cautivas.

La investigación abordará un problema de relevancia nacional (gestión de residuos orgánicos ~60% del total en Ecuador) y global (sostenibilidad en acuicultura y avicultura).

Hipótesis principal / Resultados esperados: Se espera encontrar diferenciación genética significativa entre poblaciones de Costa y Amazonía, con mayor diversidad en la Amazonía (por cercanía al centro de origen neotropical) o evidencia de adaptaciones locales. Los resultados incluirán perfiles genéticos, estimaciones de diversidad (heterocigosidad, haplotipos), estructura poblacional (clústeres, FST) y recomendaciones para conservación y mejoramiento genético de cepas locales. Esto aportará al conocimiento de la filogeografía regional y al desarrollo de biotecnología basada en insectos en Ecuador. (≈ 280 palabras)

2. Estado del arte

Hermetia illucens ha sido ampliamente estudiada por su potencial en bioconversión, pero su caracterización genética es más reciente y revela alta complejidad. Estudios globales usando microsatélites (15 loci nuevos) en >2800 individuos de 150 poblaciones (57 países) identificaron 16 clústeres genéticos bien diferenciados, con hotspots en Centro-Sudamérica, expansiones hacia el norte en el rango nativo y colonizaciones antrópicas en otros continentes. Las poblaciones cautivas suelen mostrar diversidad reducida y trazabilidad a una fuente principal en Norteamérica (cepa Sheppard), mientras que poblaciones silvestres mantienen mayor variabilidad.

Análisis mitocondriales (COI) muestran divergencias intraespecíficas sorprendentemente altas (hasta 4.9%), con patrones filogeográficos complejos posiblemente influenciados por introducciones recurrentes. Estudios genómicos recientes revelan diversidad críptica profunda (dos linajes principales divergentes hace >3 millones de años) y fuertes efectos de domesticación: reducción de diversidad (hasta ~39-47%), cuellos de botella y señales de selección en poblaciones cautivas.

En Ecuador, el estudio pionero de Pazmiño et al. (2023) caracterizó por primera vez individuos de Puerto Quito y Nanegalito (región Chocó) usando COI, ITS2 y 28S rDNA, confirmando su identidad como *H. illucens* y evaluando su capacidad de degradación de residuos orgánicos con microplásticos. Los resultados indicaron variabilidad genética detectable y buen potencial de bioconversión en condiciones locales. Otros trabajos ecuatorianos se centran en captura, cría y bioconversión en Puerto Quito, pero sin énfasis profundo en genética comparativa entre regiones.

Principales hallazgos previos: Alta diversidad global con estructura biogeográfica clara; pérdida de diversidad por domesticación; adaptabilidad a diversos sustratos; potencial de linajes locales adaptados. **Vacíos de conocimiento:** Escasa información comparativa entre ecorregiones ecuatorianas (Costa y Amazonía); limitado uso de marcadores de alta resolución (microsatélites o genómica) en muestras locales; pocos estudios sobre adaptaciones funcionales (ej. a sustratos locales o clima).

Aporte de la investigación: Esta tesis llenará el vacío regional mediante muestreo sistemático en Costa y Amazonía, aplicando enfoques moleculares comparables a estudios globales (Kaya et al., 2021; Ståhls et al., 2020). Permitirá detectar posibles unidades de manejo, apoyar programas de cría con germoplasma local resiliente y contribuir a la filogeografía neotropical de la especie. Enfoques metodológicos incluirán barcoding + microsatélites/SNPs; estudios de caso comparables son los de Kaya et al. (estructura global) y Pazmiño et al. (Ecuador).

3. Bibliografía (APA 7)

Kaya, C., Generalovic, T. N., Ståhls, G., Hauser, M., Samayoa, A. C., Nunes-Silva, C. G., ... & Sandrock, C. (2021). Global population genetic structure and demographic trajectories of

the black soldier fly, *Hermetia illucens*. *BMC Biology*, 19(1), Article 94. <https://doi.org/10.1186/s12915-021-01029-w>

Pazmiño, M. F., Del Hierro, A. G., & Flores, F. J. (2023). Genetic diversity and organic waste degrading capacity of *Hermetia illucens* from the evergreen forest of the Equatorial Choco lowland. *PeerJ*, 11, e14798. <https://doi.org/10.7717/peerj.14798>

Ståhls, G., Meier, R., Sandrock, C., Hauser, M., Šašić Zorić, L., Vujić, A., ... & Rojo, S. (2020). The puzzling mitochondrial phylogeography of the black soldier fly (*Hermetia illucens*), the commercially most important insect protein species. *BMC Evolutionary Biology*, 20(1), Article 60. <https://doi.org/10.1186/s12862-020-01627-2> (u otra versión)

Generalovic, T. N., et al. (2026). Cryptic diversity and impacts of domestication in the black soldier fly (*Hermetia illucens*) genome. *Genome Biology and Evolution*. (Avance; consultar DOI o repositorio)

Hoffmann, L., et al. (2021). Patterns of genetic diversity and mating systems in a mass-reared black soldier fly colony. *Insects*, 12(6), 480. <https://doi.org/10.3390/insects12060480>

Enlaces adicionales recomendados (literatura relevante):

- Pazmiño et al. PDF: <https://peerj.com/articles/14798.pdf>
- Kaya et al. 2021: <https://link.springer.com/article/10.1186/s12915-021-01029-w>
- Ståhls et al. 2020: Buscar en PubMed o ResearchGate.
- Artículos ecuatorianos relacionados: Buscar en Repositorios UPS, ESPE, INABIO.

(Ampliar bibliografía con al menos 2-3 referencias más durante la redacción final, priorizando artículos de 2020-2025 en revistas indexadas. Usar herramientas como Zotero o Mendeley para formato APA 7 preciso).