

**UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA**

Facultad de Ciencias y Humanidades



Relaciones filogenéticas y morfometría de Lampyridae (Insecta:  
Coleoptera) en Guatemala

Trabajo de graduación presentado por María Andrea Campos Molina para  
optar al grado académico de Licenciada en Biología

Guatemala

2025



**UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA**

Facultad de Ciencias y Humanidades




Relaciones filogenéticas y morfometría de Lampyridae (Insecta:  
Coleoptera) en Guatemala

Trabajo de graduación presentado por María Andrea Campos Molina para  
optar al grado académico de Licenciada en Biología

Guatemala


2025

Vo.Bo.:

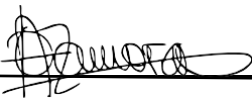
(f):   
\_\_\_\_\_

PhD. Ana Catalán


Tribunal Examinador:

(f):   
\_\_\_\_\_

PhD. Ana Catalán

(f):   
\_\_\_\_\_

PhD. Olga Zamora

(f):   
\_\_\_\_\_

M. Sc. Gabriela Alfaro

Fecha de aprobación: Guatemala, 28 de julio de 2025

## PREFACIO

Agradezco a la Ludwig-Maximilians-Universität München, y especialmente a la doctora Ana Catalán, por la oportunidad de participar en este proyecto, la invaluable guía y el financiamiento brindado para que fuese posible llevarlo a cabo. De la misma manera, me gustaría agradecer a mi directora, Gaby Alfaro, por el apoyo brindado a lo largo de la carrera y por acercarme en primera instancia a este proyecto.

A todos los lugares que me abrieron sus puertas para poder coleccionar los especímenes para este estudio, incluyendo pero no limitándose a la Reserva Pamac II, Finca Rubel Chaim, Reserva Natural Heloderma, Reserva Natural Privada Refugio del Quetzal y Parque Ecológico y Deportivo Cayalá. Igualmente, a las distintas personas que me apoyaron durante las colectas.

A la Universidad del Valle de Guatemala, el Laboratorio de Entomología Sistemática y el Departamento de Biología por el acceso a los laboratorios y el equipo necesario para poder realizar este estudio. A todos mis catedráticos por brindarme el conocimiento y las aptitudes necesarias para convertirme en una profesional capaz. A Ericka Santos por su apoyo con todas las gestiones necesarias.

Un profundo agradecimiento a Alejandra Zamora por animarme siempre a seguir adelante y por estar siempre para resolver mis dudas en el proceso. También a Jiichiro Yoshimoto, Daniel Ariano, José Monzón, Miguel Morales, Claudia Pérez y Adriana Echeverría por su disposición y asesoramiento en distintos aspectos de mi tesis.

Con especial estima, agradezco a mi familia por todas las oportunidades que me brindaron para poder estar aquí hoy, por enseñarme el valor del esfuerzo y por estar presentes en cada etapa de mi vida.

A todos mis compañeros y a mi pareja por el respaldo brindado siempre y por hacerme sentir acompañada en la aventura que es la carrera. Gracias por ayudarme y motivarme en todo el proceso de la tesis, desde las colectas hasta la redacción.

Finalmente, un agradecimiento especial a las luciérnagas por dejarme estudiarlas y aprender de ellas. Por aparecer cada vez que necesitaba un impulso o motivación. Confío en que los resultados de este estudio sirvan como base para continuar explorando más de este fascinante grupo.

# ÍNDICE

|  | <b>Página</b> |
|--|---------------|
| <b>PREFACIO</b> .....                                  | <b>IX</b>     |
| <b>ÍNDICE</b> .....                                    | <b>X</b>      |
| <b>LISTA DE CUADROS</b> .....                          | <b>XII</b>    |
| <b>LISTA DE FIGURAS</b> .....                          | <b>XIII</b>   |
| <b>RESUMEN</b> .....                                   | <b>XVIII</b>  |
| <b>ABSTRACT</b> .....                                  | <b>XIX</b>    |
| <b>I. INTRODUCCIÓN</b> .....                           | <b>1</b>      |
| <b>II. ANTECEDENTES</b> .....                          | <b>2</b>      |
| A. La familia Lampyridae .....                         | 2             |
| B. Bioluminiscencia .....                              | 2             |
| C. Ciclo de vida .....                                 | 3             |
| D. Importancia .....                                   | 4             |
| 1. Ecológico .....                                     | 4             |
| 2. Sociocultural .....                                 | 4             |
| 3. Económico .....                                     | 4             |
| 4. Biotecnológica .....                                | 5             |
| E. Estado de conservación .....                        | 5             |
| F. Estado del conocimiento de Lampyridae .....         | 6             |
| 1. Diversidad e historia evolutiva de Lampyridae ..... | 6             |
| 2. Modelaciones de distribución potencial .....        | 7             |
| <b>III. JUSTIFICACIÓN</b> .....                        | <b>9</b>      |
| <b>IV. OBJETIVOS</b> .....                             | <b>10</b>     |
| A. General .....                                       | 10            |
| B. Específicos .....                                   | 10            |
| <b>V. HIPÓTESIS</b> .....                              | <b>11</b>     |
| <b>V. METODOLOGÍA</b> .....                            | <b>12</b>     |
| A. Colecta de especímenes .....                        | 12            |
| B. Clasificación de especímenes .....                  | 12            |

|              |   |           |
|--------------|---|-----------|
| C.           | Análisis morfométrico .....   | 13        |
| D.           | Análisis molecular .....  | 14        |
| 1.           | Extracción .....  | 14        |
| 2.           | Amplificación .....   | 14        |
| 3.           | Análisis bioinformático .....   | 15        |
| E.           | Modelación de distribución potencial para <i>Photinus schusteri</i> ..... | 15        |
| <b>VI.</b>   | <b>RESULTADOS .....</b>   | <b>17</b> |
| A.           | Clasificación de morfoespecies .....                                      | 17        |
| 1.           | Fotografías de morfoespecies de <i>Photinus</i> .....                     | 18        |
| 2.           | Fotografías de morfoespecies de <i>Bicellonycha</i> .....                 | 21        |
| 3.           | Fotografías de morfoespecise de <i>Photuris</i> .....                     | 24        |
| 4.           | Fotografías de morfoespecies de <i>Aspisoma</i> .....                     | 26        |
| B.           | Análisis morfométrico .....   | 27        |
| 1.           | Análisis morfométrico de <i>Photinus</i> .....                            | 27        |
| 2.           | Análisis morfométrico de <i>Bicellonycha</i> .....                        | 29        |
| 3.           | Análisis morfométrico de <i>Photuris</i> .....                            | 32        |
| C.           | Análisis molecular .....  | 35        |
| D.           | Modelación de distribución potencial para <i>Photinus schusteri</i> ..... | 45        |
| <b>VII.</b>  | <b>DISCUSIÓN .....</b>  | <b>47</b> |
| A.           | Análisis morfométrico .....   | 47        |
| B.           | Análisis molecular .....  | 48        |
| C.           | Modelación de distribución potencial para <i>Photinus schusteri</i> ..... | 50        |
| D.           | Consideraciones finales .....   | 52        |
| <b>VIII.</b> | <b>CONCLUSIONES .....</b>   | <b>53</b> |
| <b>IX.</b>   | <b>RECOMENDACIONES .....</b>  | <b>55</b> |
| <b>X.</b>    | <b>LITERATURA CITADA .....</b>  | <b>56</b> |
| <b>XI.</b>   | <b>ANEXOS .....</b>   | <b>61</b> |

## LISTA DE CUADROS

|  |    |
|--|----|
| CUADRO 1. Secuencias de <i>primers</i> .....   | 14 |
| CUADRO 2. Programa de PCR por locus .....  | 15 |
| CUADRO 3. Variables ambientales seleccionadas para la modelación de distribución potencial .....   | 45 |
| Cuadro 4. Desafíos de la identificación morfológica de luciérnagas en Guatemala .....  | 52 |
| CUADRO 5. Sitios de colecta para este estudio .....  | 61 |
| CUADRO 6. Sitios previos de colecta.....   | 61 |
| CUADRO 7. Resultados de la prueba de normalidad Shapiro-Wilk para las variables morfométricas de <i>Photinus</i> .....                       | 69 |
| CUADRO 8. Resultados de la prueba de normalidad Shapiro-Wilk para las variables morfométricas de <i>Bicellonycha</i> .....                   | 76 |
| CUADRO 9. Resultados de la prueba de normalidad Shapiro-Wilk para las variables morfométricas de <i>Photuris</i> .....                       | 83 |
| CUADRO 10. Cuantificación y comprobación de calidad de ADN de luciérnagas en espectrofotómetro de bajo volumen Nanodrop (Thermofisher) ..... | 87 |

## LISTA DE FIGURAS

|   |    |
|---|----|
| FIGURA 1. Ejemplares de la familia Lampyridae. ....   | 2  |
| FIGURA 2. Ciclo de vida de una luciérnaga (a) larva bioluminiscente, (b) pupa, (c) adulto macho, (d) adulto hembra, (e) huevos.....   | 3  |
| FIGURA 3. Sitios turísticos de luciérnagas en todo el mundo.....  | 5  |
| FIGURA 4. Amenazas globales para las poblaciones de luciérnagas. ....   | 6  |
| FIGURA 5. Sitios de colecta para este estudio .....   | 12 |
| FIGURA 6. Distribución de las morfoespecies de <i>Photinus</i> colectadas.....  | 17 |
| FIGURA 7. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. f.....   | 18 |
| FIGURA 8. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. l.....   | 18 |
| FIGURA 9. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. n .....  | 18 |
| FIGURA 10. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. o .....   | 19 |
| FIGURA 11. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. p .....   | 19 |
| FIGURA 12. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. r.....  | 19 |
| FIGURA 13. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. s.....  | 20 |
| FIGURA 14. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photinus</i> sp. y .....   | 20 |
| FIGURA 15. Distribución de las morfoespecies de <i>Bicellonycha</i> colectadas .....  | 21 |
| FIGURA 16. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Bicellonycha</i> sp. a ...                                       | 21 |
| FIGURA 17. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Bicellonycha</i> sp. d...  | 22 |
| FIGURA 18. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Bicellonycha</i> sp. e ...                                       | 22 |
| FIGURA 19. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Bicellonycha</i> sp. h...  | 22 |
| FIGURA 20. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Bicellonycha</i> sp. j....                                       | 23 |
| FIGURA 21. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Bicellonycha</i> sp. t....                                       | 23 |
| FIGURA 22. Distribución de las morfoespecies de <i>Photuris</i> colectadas .....  | 24 |
| FIGURA 23. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photuris</i> sp. b.....  | 24 |
| FIGURA 24. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photuris</i> sp. ....  | 25 |
| FIGURA 25. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Photuris</i> sp. m.....  | 25 |
| FIGURA 26. Distribución de las morfoespecies de <i>Aspisoma</i> colectadas.....   | 26 |
| FIGURA 27. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Aspisoma</i> sp. k.....  | 26 |
| FIGURA 28. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie <i>Aspisoma</i> sp. u.....  | 27 |
| FIGURA 29. Correlación Spearman de variables morfométricas en <i>Photinus</i> .....   | 27 |
| FIGURA 30. Dendrograma UPGMA basado en distancia Euclídeana de variables morfométricas de <i>Photinus</i> .....                       | 28 |
| FIGURA 31. Análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en variables morfométricas de <i>Photinus</i> .....     | 29 |
| FIGURA 32. Correlación Spearman de variables morfométricas en <i>Bicellonycha</i> .....   | 30 |
| FIGURA 33. Dendrograma UPGMA basado en distancia Euclídeana de variables morfométricas de <i>Bicellonycha</i> .....                   | 31 |
| FIGURA 34. Análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en variables morfométricas de <i>Bicellonycha</i> ..... | 32 |

|   |    |
|---|----|
| FIGURA 35. Correlación Spearman de variables morfométricas en <i>Photuris</i> .....   | 33 |
| FIGURA 36. Dendrograma UPGMA basado en distancia Euclideana de variables morfométricas de <i>Photuris</i> .....   | 34 |
| FIGURA 37. Análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en variables morfométricas de <i>Photuris</i> .....   | 35 |
| FIGURA 38. Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones. ....  | 37 |
| FIGURA 39. Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones .....   | 38 |
| FIGURA 40. Árbol filogenético del gen COI generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones .....  | 39 |
| FIGURA 41. Árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones .....   | 40 |
| FIGURA 42. Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones .....  | 41 |
| FIGURA 43. Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones .....   | 42 |
| FIGURA 44. Árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones .....   | 43 |
| FIGURA 45. Árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones .....  | 44 |
| FIGURA 46. Curva AUC para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para <i>Photinus schusteri</i> .....   | 45 |
| FIGURA 47. Mapa de probabilidad de ocurrencia según algoritmo MaxEnt para <i>Photinus schusteri</i> , donde una coloración más oscura indica mayor probabilidad de presencia y los círculos blancos representan registros conocidos ..... | 46 |
| FIGURA 48. Base de datos utilizada para el análisis morfométrico de <i>Photinus</i> .....   | 62 |
| FIGURA 49. Boxplot de la variable morfométrica “ancho de cabeza” para <i>Photinus</i> .....   | 62 |
| FIGURA 50. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del élitro” para <i>Photinus</i> .....  | 63 |
| FIGURA 51. Boxplot de la variable morfométrica “ancho de la fosa interantenal” para <i>Photinus</i> .....   | 63 |
| FIGURA 52. Boxplot de la variable morfométrica “ancho interantenal” para <i>Photinus</i> ....   | 63 |
| FIGURA 53. Boxplot de la variable morfométrica “ancho interocular” para <i>Photinus</i> .....   | 64 |
| FIGURA 54. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del ojo” para <i>Photinus</i> .....   | 64 |
| FIGURA 55. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del pronoto” para <i>Photinus</i> ....  | 64 |
| FIGURA 56. Boxplot de la variable morfométrica “borde del élitro” para <i>Photinus</i> .....  | 65 |
| FIGURA 57. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 4” para <i>Photinus</i> .....   | 65 |
| FIGURA 58. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 5” para <i>Photinus</i> .....   | 65 |
| FIGURA 59. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 6” para <i>Photinus</i> .....   | 66 |
| FIGURA 60. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 7” para <i>Photinus</i> .....   | 66 |
| FIGURA 61. Boxplot de la variable morfométrica “franjas del élitro” para <i>Photinus</i> .....  | 66 |
| FIGURA 62. Boxplot de la variable morfométrica “largo de cabeza” para <i>Photinus</i> .....   | 67 |
| FIGURA 63. Boxplot de la variable morfométrica “largo del élitro” para <i>Photinus</i> .....  | 67 |

|   |    |
|---|----|
| FIGURA 64. Boxplot de la variable morfométrica “largo del ojo” para <i>Photinus</i> .....                     | 67 |
| FIGURA 65. Boxplot de la variable morfométrica “largo del pronoto” para <i>Photinus</i> .....                 | 68 |
| FIGURA 66. Boxplot de la variable morfométrica “longitud de antena” para <i>Photinus</i> ....                 | 68 |
| FIGURA 67. Boxplot de la variable morfométrica “longitud total” para <i>Photinus</i> .....                    | 68 |
| FIGURA 68. Base de datos utilizada para el análisis morfométrico de <i>Bicellonycha</i> .....                 | 69 |
| FIGURA 69. Boxplot de la variable morfométrica “ancho de cabeza” para <i>Bicellonycha</i> ..                  | 70 |
| FIGURA 70. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del élitro” para <i>Bicellonycha</i> ..                 | 70 |
| FIGURA 71. Boxplot de la variable morfométrica “ancho de la fosa interantenal” para <i>Bicellonycha</i> ..... | 70 |
| FIGURA 72. Boxplot de la variable morfométrica “ancho interantenal” para <i>Bicellonycha</i> .....            | 71 |
| FIGURA 73. Boxplot de la variable morfométrica “ancho interocular” para <i>Bicellonycha</i> ..                | 71 |
| FIGURA 74. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del ojo” para <i>Bicellonycha</i> .....                 | 71 |
| FIGURA 75. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del pronoto” para <i>Bicellonycha</i> .....             | 72 |
| FIGURA 76. Boxplot de la variable morfométrica “borde del élitro” para <i>Bicellonycha</i> ...                | 72 |
| FIGURA 77. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 4” para <i>Bicellonycha</i> .....                   | 72 |
| FIGURA 78. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 5” para <i>Bicellonycha</i> .....                   | 73 |
| FIGURA 79. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 6” para <i>Bicellonycha</i> .....                   | 73 |
| FIGURA 80. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 7” para <i>Bicellonycha</i> .....                   | 73 |
| FIGURA 81. Boxplot de la variable morfométrica “franja del élitro” para <i>Bicellonycha</i> .....             | 74 |
| FIGURA 82. Boxplot de la variable morfométrica “largo de cabeza” para <i>Bicellonycha</i> ..                  | 74 |
| FIGURA 83. Boxplot de la variable morfométrica “largo del élitro” para <i>Bicellonycha</i> .....              | 74 |
| FIGURA 84. Boxplot de la variable morfométrica “largo del ojo” para <i>Bicellonycha</i> .....                 | 75 |
| FIGURA 85. Boxplot de la variable morfométrica “largo del pronoto” para <i>Bicellonycha</i> ..                | 75 |
| FIGURA 86. Boxplot de la variable morfométrica “longitud de antena” para <i>Bicellonycha</i> .....            | 75 |
| FIGURA 87. Boxplot de la variable morfométrica “longitud total” para <i>Bicellonycha</i> .....                | 76 |
| FIGURA 88. Base de datos utilizada para el análisis morfométrico de <i>Photuris</i> .....                     | 77 |
| FIGURA 89. Boxplot de la variable morfométrica “ancho de cabeza” para <i>Photuris</i> .....                   | 77 |
| FIGURA 90. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del élitro” para <i>Photuris</i> .....                  | 77 |
| FIGURA 91. Boxplot de la variable morfométrica “ancho de la fosa interantenal” para <i>Photuris</i> .....     | 78 |
| FIGURA 92. Boxplot de la variable morfométrica “ancho interantenal” para <i>Photuris</i> .....                | 78 |
| FIGURA 93. Boxplot de la variable morfométrica “ancho interocular” para <i>Photuris</i> .....                 | 78 |
| FIGURA 94. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del ojo” para <i>Photuris</i> .....                     | 79 |
| FIGURA 95. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del pronoto” para <i>Photuris</i> .....                 | 79 |
| FIGURA 96. Boxplot de la variable morfométrica “borde del élitro” para <i>Photuris</i> .....                  | 79 |
| FIGURA 97. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 4” para <i>Photuris</i> .....                       | 80 |
| FIGURA 98. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 5” para <i>Photuris</i> .....                       | 80 |
| FIGURA 99. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 6” para <i>Photuris</i> .....                       | 80 |
| FIGURA 100. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 7” para <i>Photuris</i> .....                      | 81 |
| FIGURA 101. Boxplot de la variable morfométrica “franjas del élitro” para <i>Photuris</i> .....               | 81 |
| FIGURA 102. Boxplot de la variable morfométrica “largo de cabeza” para <i>Photuris</i> .....                  | 81 |

|   |    |
|---|----|
| FIGURA 103. Boxplot de la variable morfométrica “largo del élitro” para <i>Photuris</i> .....   | 82 |
| FIGURA 104. Boxplot de la variable morfométrica “largo del ojo” para <i>Photuris</i> .....  | 82 |
| FIGURA 105. Boxplot de la variable morfométrica “largo del pronoto” para <i>Photuris</i> .....  | 82 |
| FIGURA 106. Boxplot de la variable morfométrica “longitud de antena” para <i>Photuris</i> ...   | 83 |
| FIGURA 107. Boxplot de la variable morfométrica “longitud total” para <i>Photuris</i> .....   | 83 |
| FIGURA 108. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Photinus</i> sp. f.....  | 84 |
| FIGURA 109. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Photinus</i> sp. l.....  | 84 |
| FIGURA 110. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Photinus</i> sp. n.....  | 85 |
| FIGURA 111. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Photinus</i> sp. o.....  | 85 |
| FIGURA 112. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Photinus</i> sp. p.....  | 85 |
| FIGURA 113. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Bicellonycha</i> sp. d.....  | 86 |
| FIGURA 114. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Bicellonycha</i> sp. j.....  | 86 |
| FIGURA 115. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Bicellonycha</i> sp. t.....  | 86 |
| FIGURA 116. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Photuris</i> sp. b.....  | 87 |
| FIGURA 117. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie<br><i>Photuris</i> sp. g.....  | 87 |
| FIGURA 118. Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de máxima<br>verosimilitud con 1,000 iteraciones. ....  | 90 |
| FIGURA 119. Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de inferencia<br>bayesiana con 20,000,000 iteraciones. ....   | 91 |
| FIGURA 120. Árbol filogenético del gen COI generado por el método de máxima<br>verosimilitud con 1,000 iteraciones. ....  | 92 |
| FIGURA 121. Árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia<br>bayesiana con 20,000,000 iteraciones. ....   | 93 |
| FIGURA 122. Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de máxima<br>verosimilitud con 1,000 iteraciones. ....  | 94 |
| FIGURA 123. Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de inferencia<br>bayesiana con 20,000,000 iteraciones. ....   | 95 |
| FIGURA 124. Árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por<br>el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones. ....                                   | 96 |
| FIGURA 125. Árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por<br>el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones.....                               | 97 |
| FIGURA 126. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del<br>gen 16S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones ..... | 98 |

|   |     |
|---|-----|
| FIGURA 127. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen 16S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones .....                             | 99  |
| FIGURA 128. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen COI generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones.....                                   | 100 |
| FIGURA 129. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones ....                              | 101 |
| FIGURA 130. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones .....                                  | 102 |
| FIGURA 131. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones ....                              | 103 |
| FIGURA 132. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones.....      | 104 |
| FIGURA 133. Posicionamiento de <i>Bicellonycha</i> sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones..... | 105 |
| FIGURA 134. Mapa de distribución potencial según algoritmo MaxEnt para <i>Photinus schusteri</i> .....  | 106 |
| FIGURA 135. Curva de omisión y área predictiva para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para <i>Photinus schusteri</i> .....   | 106 |
| FIGURA 136. Curvas de respuesta de las variables bioclimáticas seleccionadas para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para <i>Photinus schusteri</i> .....   | 107 |
| FIGURA 137. Análisis <i>Jackknife</i> para la contribución de las variables bioclimáticas para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para <i>Photinus schusteri</i> .....                                    | 107 |

## RESUMEN

El orden Coleoptera es uno de los grupos más diversos y abundantes en el mundo. Dentro del mismo, la familia Lampyridae (Rafinesque, 1815), comúnmente conocida como luciérnagas, representa alrededor de 2,500 especies. Además de su carisma y característica bioluminiscencia, estos organismos tienen un rol importante a nivel ecológico y socioeconómico. Hoy en día, estudios evidencian que las poblaciones enfrentan un constante declive como resultado de diversas presiones antropogénicas.

A pesar de estar ubicada en una de las regiones con mayor diversidad y potencial de endemismo para el grupo, la información disponible sobre la historia natural y evolutiva de las luciérnagas en Guatemala es limitada y desactualizada. Este estudio se centra en caracterizar la diversidad y reconstruir las relaciones evolutivas de las luciérnagas en Guatemala. Para ello, se utilizaron alrededor de 200 especímenes colectados en todo el país, así como colecciones previas, para realizar análisis filogenéticos y morfométricos. Los análisis filogenéticos se realizaron mediante máxima verosimilitud y reconstrucciones de inferencia bayesiana basadas en dos marcadores mitocondriales (COI y 16S) y un marcador nuclear (18S). Por su parte, los análisis morfométricos se realizaron con *MorphoTools2*.

Adicionalmente, se modeló la distribución potencial de *Photinus schusteri*, una especie recién descrita para Guatemala, con el algoritmo MaxEnt, en pro de contribuir a futuros esfuerzos de muestreo e investigación sobre la misma. Por medio de la generación de esta información, se pretende contribuir al conocimiento entomológico y orientar los esfuerzos de conservación para proteger de manera eficiente y efectiva el patrimonio natural de Guatemala. Los resultados de este estudio proporcionan datos de referencia sobre la diversidad de luciérnagas y su distribución en todo el país, lo que a su vez desempeñará un papel clave en la orientación de los esfuerzos de conservación del grupo.

Palabras clave: luciérnagas neotropicales, filogenética, sistemática, morfometría

## ABSTRACT

The order Coleoptera is one of the most diverse and abundant groups in the world. Within this group, the family Lampyridae (Rafinesque, 1815), commonly known as fireflies, comprises approximately 2,500 species. In addition to their popularity and bioluminescence, these organisms play an important ecological and socioeconomic role. Today, studies show that populations are facing a constant decline as a result of various anthropogenic pressures. Despite being in one of the regions with the greatest diversity and endemism potential, the information available on the natural and evolutionary history of fireflies in Guatemala is limited and outdated.

This study focuses on characterizing the diversity and reconstructing the evolutionary relationships of fireflies in the country. Approximately 200 specimens were collected throughout the country and were used to perform phylogenetic and morphometric analyses. Phylogenetic analyses were performed using maximum likelihood and Bayesian inference reconstructions based on two mitochondrial markers (COI and 16S) and one nuclear marker (18S), including previously sequenced fireflies which served as phylogenetic reference. Morphometric analyses were made with MorphoTools2. Additionally, the MaxEnt algorithm was used to model the potential distribution of *Photinus schusteri*, a species recently described for Guatemala, in order to contribute to future sampling and research efforts. The results of this study provide baseline data on firefly diversity and distribution throughout the country, which will, in turn, play a key role in guiding the group's conservation efforts.

Key words: Neotropical fireflies, phylogenetics, systematics, morphometrics

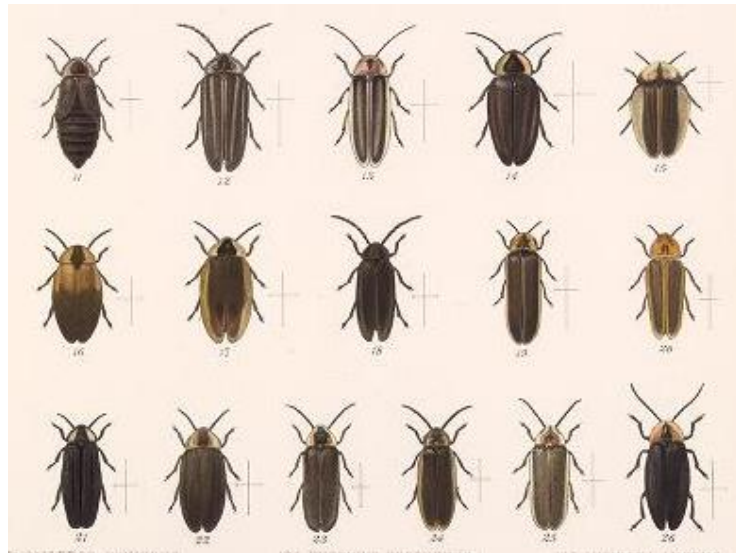
# I. INTRODUCCIÓN

Las luciérnagas, pertenecientes a la familia Lampyridae (Rafinesque, 1815), constituyen alrededor de 2,500 especies dentro del orden de los coleópteros. Se distribuyen alrededor de todo el mundo, con excepción de Antártica (Bouchard *et al.*, 2017; Martin *et al.*, 2019). Más allá de la popularidad que les brinda su característica bioluminiscencia, las luciérnagas son de suma importancia, tanto a nivel ecológico como sociocultural y económico. Sin embargo, el conocimiento en torno a su diversidad e historia evolutiva aún es escaso, especialmente en la región neotropical. La presente investigación se propone con la finalidad de contribuir al conocimiento sobre la diversidad y las relaciones evolutivas de las luciérnagas de Guatemala. Con este propósito, se realizaron análisis filogenéticos y morfométricos sobre especímenes colectados y registros previos alrededor del país. Adicionalmente, se modeló la distribución potencial de *Photinus schusteri*, una especie recién descrita para Guatemala, en pro de contribuir a futuros esfuerzos de muestreo e investigación en torno a la misma (Catalán *et al.*, in rev.).

## II. ANTECEDENTES

### A. La familia Lampyridae

Al igual que otros miembros del orden Coleoptera, las luciérnagas poseen mandíbulas bien desarrolladas y sus alas anteriores están endurecidas, por lo que reciben el nombre de élitros. La familia Lampyridae presenta una variedad de formas. En general, se caracterizan por poseer un cuerpo elongado y relativamente blando, por el pronoto que cubre la mayor parte del dorso de la cabeza y la presencia de órganos lumínicos, los cuales suelen ubicarse entre el segundo y cuarto ventrito (Zaragoza *et al.*, 2017; Ferreira *et al.*, 2020).



**FIGURA 1. Ejemplares de la familia Lampyridae.** Obtenido de: Gorham (1881)

### B. Bioluminiscencia

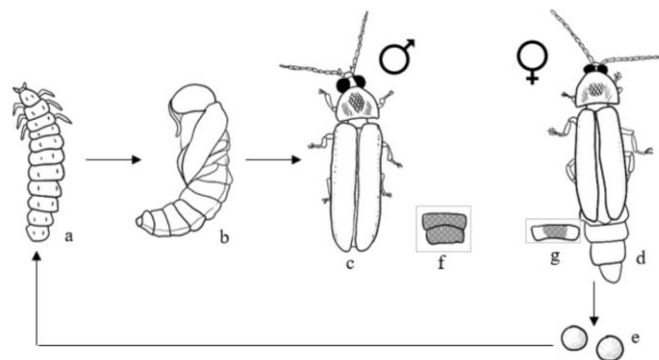
Una reacción oxidativa de la luciferina y el ATP es la responsable de la cualidad más llamativa en esta familia de insectos: la bioluminiscencia. Si bien cabe resaltar que no todos los adultos presentan esta capacidad, es un importante medio de comunicación inter- e intraespecífico en aquellas especies que lo presentan. Durante la temporada de apareamiento, cada especie emite patrones únicos de luz como cortejo para atraer a potenciales parejas. Por lo tanto, la observación de la intensidad y duración de la luz puede ayudar en la identificación de las distintas especies (Stanger-Hall *et al.*, 2007). Adicionalmente, en algunas especies, el cortejo también puede complementarse con la entrega de regalos nupciales (*e.g.* espermátóforos) (Lewis y South, 2012).

Paralelo a su función en el cortejo, la bioluminiscencia también es utilizada como mecanismo de defensa. A través de la luz emitida, advierten a potenciales predadores sobre los compuestos tóxicos capaces de generar un sabor desagradable. De igual forma, la utilizan para confundir a sus depredadores y evitar ser atrapadas. No obstante, algunos depredadores han desarrollado mecanismos para evadir esta defensa. Tal es el caso de las luciérnagas *Photuris*, las cuales han desarrollado la capacidad de imitar los patrones de luz emitidos por otras especies para engañarlas y atraerlas (Fallon *et al.*, 2019).

### C. Ciclo de vida

Las luciérnagas presentan una metamorfosis completa, por lo que su ciclo de vida se compone de las siguientes cuatro fases: huevo, larva, pupa y adulto (Figura 2). El tiempo de vida puede variar ampliamente entre especies, rondando desde los dos meses hasta los tres años. Las hembras suelen depositar sus huevos en suelos húmedos o madera podrida. Dependiendo de las condiciones ambientales, durante su estadio de larva, algunas especies pueden permanecer inactivas bajo el suelo durante el invierno en latitudes más altas con condiciones más severas. En contraste, las larvas de latitudes bajas suelen permanecer activas todo el año. Todas las larvas de luciérnagas presentan bioluminiscencia como mecanismo de defensa contra la depredación (Zaragoza *et al.*, 2017).

Cuando la larva se ha desarrollado completamente, suelen buscar troncos podridos o la corteza de los árboles para transicionar a su estadio de pupa. En cuestión de semanas, emergen los insectos adultos. Cabe destacar que el tiempo exacto puede variar dependiendo de la temperatura y precipitación en la temporada. No obstante, tiende a suceder entre abril y julio. La etapa adulta varía entre especies. Algunas se alimentan de néctar o polen, mientras que otras se alimentan de otros insectos, incluyendo luciérnagas. Incluso, hay especies que no se alimentan durante toda su vida adulta (Fallon *et al.*, 2019).



**FIGURA 2. Ciclo de vida de una luciérnaga (a) larva bioluminiscente, (b) pupa, (c) adulto macho, (d) adulta hembra, (e) huevos.** Obtenido de: Pérez (2022)

## **D. Importancia**

Las luciérnagas han sido reconocidas por mucho tiempo por los humanos y son insectos de importancia en diversos ámbitos. A continuación, se presentan algunos de los principales.

### **1. Ecológico**

A nivel ecológico, estos insectos son parte significativa en los ecosistemas que habitan. En este aspecto, son parte clave de las redes alimenticias. Por un lado, proveen alimento para muchas otras especies, incluyendo aves, mamíferos y otros insectos. Por otro lado, son depredadores clave de invertebrados durante su estadio larvario, por lo que regulan su tamaño poblacional (Fallon *et al.*, 2019). Además, algunas especies de luciérnagas se alimentan de polen y néctar, así que también fungen como polinizadores para ciertas especies de plantas (Faust y Faust, 2014). Dada su sensibilidad a cambios en la contaminación del aire, el agua y el suelo, fluctuaciones en las poblaciones de estos insectos también pueden ser de utilidad como indicadores de calidad ambiental (Fallon *et al.*, 2019).

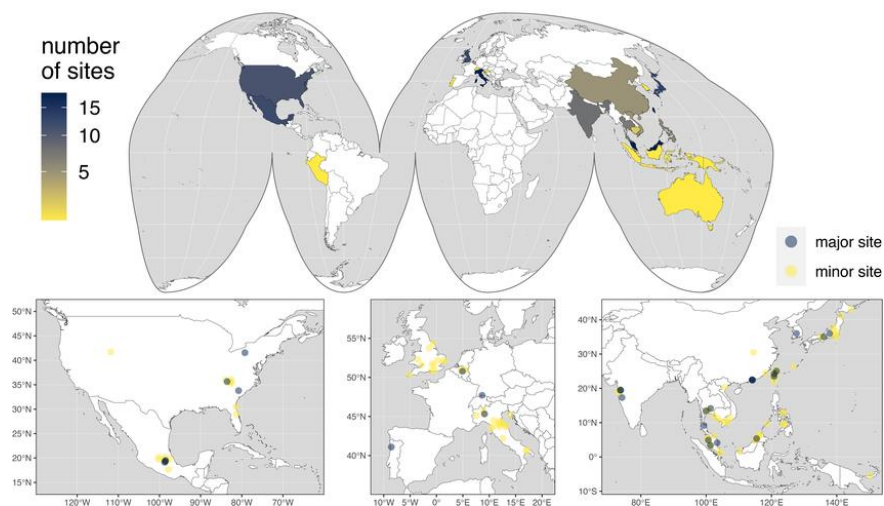
### **2. Sociocultural**

A lo largo de los años, las luciérnagas han sido personajes recurrentes en la cultura de diversas civilizaciones. A manera de ejemplo, estas son retratadas en la cultura maya como deidades o criaturas importantes en la mitología. En el *Popol Vuh*, luciérnagas ayudan a los hermanos *Hunahpú* e *Ixbalanqué* a superar una de las pruebas de los señores de *Xibalbá*, colocándose sobre sus cigarros y dando la impresión que estos permanecían prendidos toda la noche (Recinos, 2022). En la cultura japonesa, las luciérnagas son un símbolo de amor e incluso se cree que son los espíritus de valientes guerreros que murieron en la guerra. Por muchos años, se ha guardado la tradición del *hotaru gari*, en la cual miles de personas viajan a sitios específicos para contemplar el brillo de las luciérnagas *Genji*. Asimismo, en Tailandia las luciérnagas han sido valoradas por navegadores (Lewis *et al.*, 2021).

### **3. Económico**

De la mano con las tradiciones milenarias mencionadas anteriormente, la observación de luciérnagas ha cobrado auge dentro del campo del ecoturismo. Más de un millón de personas viajan alrededor del mundo cada año para ver luciérnagas (Lewis *et al.*, 2021). En la Figura 3 se plasman algunos de los sitios más populares para esta actividad. Gracias al interés por la observación, cada uno de estos lugares recibe distintos beneficios económicos, a través de la generación de empleos y los ingresos generados por los servicios ofrecidos para realizar

esta actividad. A partir de esta demanda, distintos esfuerzos se han hecho para que dicha actividad se practique de manera sostenible y los beneficios mencionados se mantengan a largo plazo.



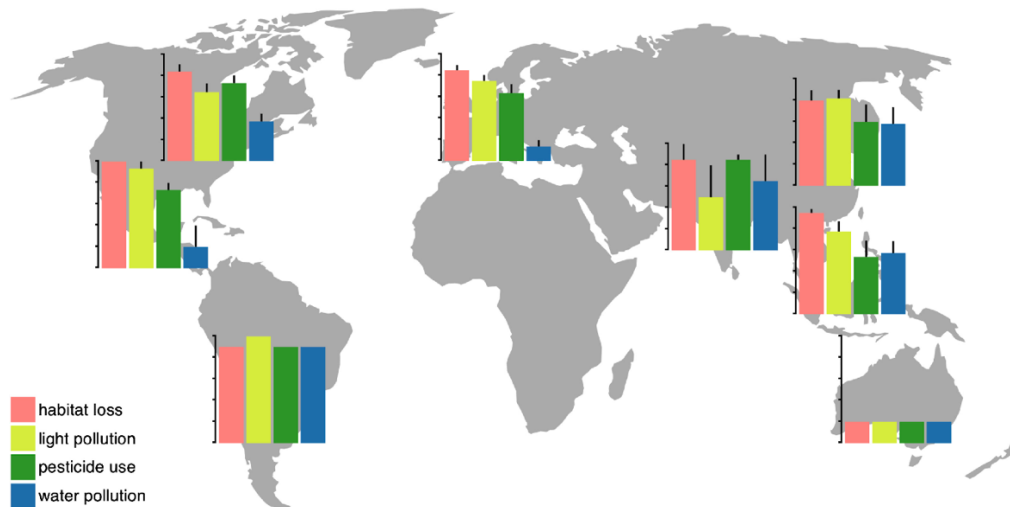
**FIGURA 3. Sitios turísticos de luciérnagas en todo el mundo.** Obtenido de: Lewis *et al.* (2021)

#### 4. Biotecnológica

Finalmente, la reacción de bioluminiscencia de las luciérnagas también ha servido de inspiración en el ámbito científico. Actualmente, es ampliamente utilizada en una variedad de aplicaciones, desde análisis genéticos y moleculares hasta el control de higiene y la evaluación de contaminación ambiental (Syed y Anderson, 2021). Por mencionar algunos ejemplos, la bioluminiscencia se ha utilizado para monitorear el progreso del cáncer y ciertas infecciones exitosamente (Hutchens y Luker, 2007; Badr y Tannous, 2011).

#### E. Estado de conservación

Expertos coinciden en que las poblaciones de luciérnagas han ido en declive y sus principales amenazas son cada vez mayores. En la Figura 4, se muestran estas amenazas, así como su magnitud en distintas partes del mundo. Entre estas, destacan la degradación de hábitat, la contaminación lumínica, el uso de pesticidas y la contaminación del agua. En este mismo orden de ideas, se mantiene la práctica de coleccionar luciérnagas para la extracción de luciferina, a pesar de existir alternativas sintéticas (Lewis *et al.*, 2020). De acuerdo con la UICN (2024), 19 especies de luciérnagas se encuentran en estado de amenaza y se desconoce el estado de conservación de al menos 70 especies.



**FIGURA 4. Amenazas globales para las poblaciones de luciérnagas.** Obtenido de: Lewis *et al.* (2020)

## F. Estado del conocimiento de Lampyridae

### 1. Diversidad e historia evolutiva de Lampyridae

La clasificación taxonómica de los lampíridos se ha hecho en gran medida con base en características morfológicas, las cuales no necesariamente reflejan las relaciones evolutivas de los organismos. Recientemente, el área molecular ha cobrado auge como herramienta para comprender dichas relaciones. Se han utilizado principalmente marcadores moleculares enfocados en regiones restringidas del código genético, tanto nucleares (*e.g.* 18S, 28S, WNT) como mitocondriales (*e.g.* 16S, 12S, COX1). A partir de esto, la familia Lampyridae ha sido posicionada dentro la superfamilia Elateroidea, formando un clado monofilético con Cantharidae y Lycidae (Bocakova *et al.*, 2007; Kundera *et al.*, 2014).

No obstante, las relaciones evolutivas dentro de la familia aún no están claras. Si bien se han hecho esfuerzos por realizar estudios a nivel global, regiones como Centroamérica, Sudamérica, África y Australia aún representan un vacío de información para la investigación de lampíridos. Sumado a esto, algunas regiones cuentan con registros solamente para un único gen. Esto conlleva a un sesgo en la historia evolutiva reflejada en las filogenias, derivado de la presión ejercida sobre el gen específico (*e.g.* Suzuki, 1997, Onah y Aleke, 2023).

El estudio de luciérnagas con mayor representatividad a la fecha utiliza datos de 88 especies de todo el mundo, incluyendo 53 especies previamente registradas en bancos genéticos. Con base en el análisis de genes ortólogos a través del genoma, llegan a la conclusión de que la familia Lampyridae incluye diez subfamilias. Entre estas, se encuentra la subfamilia Photurinae, la cual incluye géneros como *Photuris* y *Bicellonycha* o la

subfamilia Lampyrinae que incluye géneros como *Photinus*, *Aspisoma* y *Ellychnia* (Martin *et al.*, 2019). Más recientemente, se determinó la existencia de una nueva subfamilia, Chespiritoinae, con tres géneros descritos para México, mediante el uso de los marcadores 18S, 28S, rrrl y COX1 (Ferreira *et al.*, 2020). Se han descrito otras especies nuevas para este país recientemente. No obstante, estas siguen basándose únicamente en morfología (*e.g.* Zaragoza-Caballero *et al.*, 2020; Zaragoza-Caballero *et al.*, 2021).

A nivel general, se registran aproximadamente 1,200 especies solamente en el neotrópico. Sin embargo, la tendencia a basar las clasificaciones taxonómicas sobre morfología puede causar que esta cifra subestime la verdadera diversidad de luciérnagas en la región (Silveira *et al.*, 2020). En Guatemala, se reconocen al menos catorce géneros, de acuerdo con lo reportado en *Biología Centrali Americana* (Gorham, 1881). Otros estudios en los últimos años se han basado principalmente en el comportamiento de su bioluminiscencia (*e.g.* Schuster, 1997; Arrivillaga-Cano *et al.*, 2023).

Una publicación reciente de luciérnagas en México registra 232 especies de 25 géneros (Pérez-Hernández, 2022). Asimismo, se han trabajado tesis de pregrado, enfocadas en taxonomía, morfometría y genética, a través de las cuales se han encontrado indicios de varias especies no descritas para el país (*e.g.* Echeverría, 2022; Gutierrez, 2022; Pérez, 2022). En estas investigaciones, se registraron 24, cinco y 38 especies, respectivamente. Por consiguiente, la diversidad de luciérnagas en Guatemala puede ser más alta de lo que se cree. Recientemente, se utilizaron métodos moleculares y morfométricos, a través de los cuales se describieron cuatro especies nuevas de *Photinus* para el país: *P. hunahpú*, *P. helodermensis*, *P. shusteri* y *P. semetabajense* (Catalán *et al.*, in rev.). A pesar de representar un comienzo para el estudio molecular de este grupo en el país, se destacan varias limitantes por abordar. Entre estas, vacíos de colecta (especialmente en el occidente del país), variación por dimorfismo sexual y falta de registros genéticos previos para ciertas regiones.

## **2. Modelaciones de distribución potencial**

Los modelos de distribución potencial implementan métodos estadísticos y registros de presencia o ausencia disponibles para predecir áreas que cumplen con las condiciones idóneas para la presencia de determinado organismo. Particularmente, MaxEnt ha sido una de las herramientas más utilizadas para este fin, puesto que no requiere de datos de ausencia para realizar dichas modelaciones. MaxEnt realiza modelaciones de máxima entropía para estimar la probabilidad de presencia del organismo dentro de un área delimitada partiendo únicamente de variables ambientales y ocurrencias conocidas (Phillips *et al.*, 2006).

La estimación del rango de distribución de las especies permite aprovechar la información biológica disponible para orientar esfuerzos de investigación y conservación, optimizando la inversión de tiempo y otros recursos. Como caso representativo, los modelos de distribución potencial generados por MaxEnt fueron utilizado en las Islas Salomón para el estudio de

luciérnagas del género *Atyphella*, a manera de establecer sitios de estudio y conservación prioritarios. Dichos modelos fueron luego validados a partir de estudios en campo, confirmando los sitios predichos por la modelación (Sutherland *et al.*, 2021).

En Guatemala, las únicas investigaciones sobre modelaciones de distribución potencial en insectos disponibles se han hecho con abejas de las tribus Euglossini y Bombini, así como con algunos insectos de importancia agrícola (Armas, 2009; Escobedo *et al.*, 2019; Araque, 2023). Con respecto a luciérnagas, se ha hecho un trabajo en biogeografía con base en datos de distribución reales. Echeverría (2022) comparó las áreas de endemismo de luciérnagas del género *Photinus* con respecto a estudios biogeográficos de pasálidos en el país, corroborando una semejanza entre ambos.

### III. JUSTIFICACIÓN

La familia Lampyridae, comunmente conocida como luciérnagas, es de importancia en varios aspectos. Entre estos, destaca la bioluminiscencia, la cual ha servido de inspiración en distintos procesos médicos y ha cobrado importancia económica al servir como atractivo turístico en algunos lugares del mundo. Además, tienen el potencial de ser indicadores de calidad ambiental y convertirse en especies bandera para la conservación (Fallon *et al.*, 2019).

Según estudios, se ha evidenciado que las poblaciones a nivel global se encuentran en declive, como consecuencia de distintas presiones antropogénicas. En los últimos años se ha visto como sus principales amenazas son cada vez mayores. Cambio climático, contaminación y degradación de hábitat son solo algunas de ellas. El primer paso para el desarrollo de estrategias exitosas de conservación es el conocimiento biológico. A pesar de esto, el conocimiento en torno a las luciérnagas y su historia natural aún es escaso (Lewis *et al.*, 2021).

Históricamente, la clasificación taxonómica de Lampyridae se ha hecho con base en características morfológicas. No obstante, dada la alta variación morfológica entre especies, e incluso sexos, existe discordia en cuanto a la historia evolutiva de esta familia de coleópteros. Actualmente, es reconocida la importancia de complementar el eje morfológico con información genética y biogeográfica para delimitar especies. Por lo tanto, se destaca la necesidad de orientar los esfuerzos de investigación hacia diseños experimentales integrales.

Los estudios genéticos representan una oportunidad para esclarecer la historia evolutiva de los organismos y llegar así a una mejor comprensión de su diversidad. Los bancos genéticos han sido una herramienta indispensable para avanzar en el estudio de estos insectos, al almacenar y sistematizar material genético de investigadores alrededor del mundo (*e.g.* Stanger Hall *et al.*, 2007). Sin embargo, varias regiones aún representan un vacío de información, incluyendo a Centroamérica.

Aunque se reconoce la región tropical como el punto de origen de las luciérnagas y por consiguiente de las regiones con mayor diversidad, esta es también la región con menor información (Stanger Hall *et al.*, 2007). A nivel general, se registran aproximadamente 1,200 especies solamente en el neotrópico (Pérez-Hernández, 2022). Considerando estudios en regiones cercanas al país y nuevas especies descritas recientemente como resultado de investigaciones moleculares y biogeográficas, el potencial para Guatemala demuestra ser bastante alto.

En este contexto, se resalta la importancia de preservar el patrimonio natural de Guatemala, mediante la generación de información que pueda aplicarse a futuro en esfuerzos de conservación. Estudios más recientes, enfocados en taxonomía, morfometría y genética, han encontrado indicios de varias especies no descritas, así como regiones de endemismo, para el país (*e.g.* Echeverría, 2022; Gutierrez, 2022; Pérez, 2022). Esta investigación brinda la oportunidad de integrar y construir sobre la información generada en dichos estudios para resolver las dudas evolutivas que quedaron y abordar las principales limitantes encontradas.

## **IV. OBJETIVOS**

### **A. General**

Determinar la diversidad y las relaciones evolutivas de las luciérnagas de Guatemala mediante análisis filogenéticos y morfométricos.

### **B. Específicos**

1. Contribuir al conocimiento entomológico del país a través del estudio de la diversidad de luciérnagas.
2. Determinar la diversidad de luciérnagas de Guatemala mediante análisis filogenéticos y morfométricos.
3. Reconstruir las relaciones evolutivas de las luciérnagas de Guatemala mediante análisis filogenéticos y morfométricos.
4. Modelar la distribución geográfica potencial de una especie recién descrita de *Photinus* de Guatemala.

## V. HIPÓTESIS

1.  $H_0$  : Las poblaciones de luciérnagas de una misma región no formarán clados monofiléticos y no tendrán relaciones evolutivas más cercanas que con aquellas de regiones distantes.

$H_A$ : Las poblaciones de luciérnagas de una misma región formarán clados monofiléticos y tendrán relaciones evolutivas más cercanas que con aquellas de regiones distantes.

2.  $H_0$ : La identificación morfológica y genética de los especímenes no dará resultados concordantes.

$H_A$ : La identificación morfológica y genética de los especímenes dará resultados concordantes.

3.  $H_0$  : La modelación de distribución potencial no mostrará presencia de *Photinus schusteri*, a lo largo de la ecorregión de bosque de pino-encino en Guatemala.

$H_A$ : La modelación de distribución potencial mostrará presencia de *Photinus schusteri*, a lo largo de la ecorregión de bosque de pino-encino en Guatemala.

## V. METODOLOGÍA

### A. Colecta de especímenes

Se colectaron luciérnagas entre enero y septiembre de 2024 en cada una de las localidades descritas en la Figura 5. Las colectas se llevaron a cabo en horario de 18:00 a 21:00 horas, utilizando una red entomológica o la mano. Las mismas se almacenaron en tubos Eppendorf 1.5 mL con etanol al 95 %, rotulados con un código único. Los especímenes luego fueron trasladados al Laboratorio de Biología Molecular del Departamento de Biología en la Universidad del Valle de Guatemala, donde se preservaron a  $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ . Adicionalmente, se incluyen datos de luciérnagas colectadas previamente por Echeverría (2022), Gutierrez (2022) y Pérez (2022).

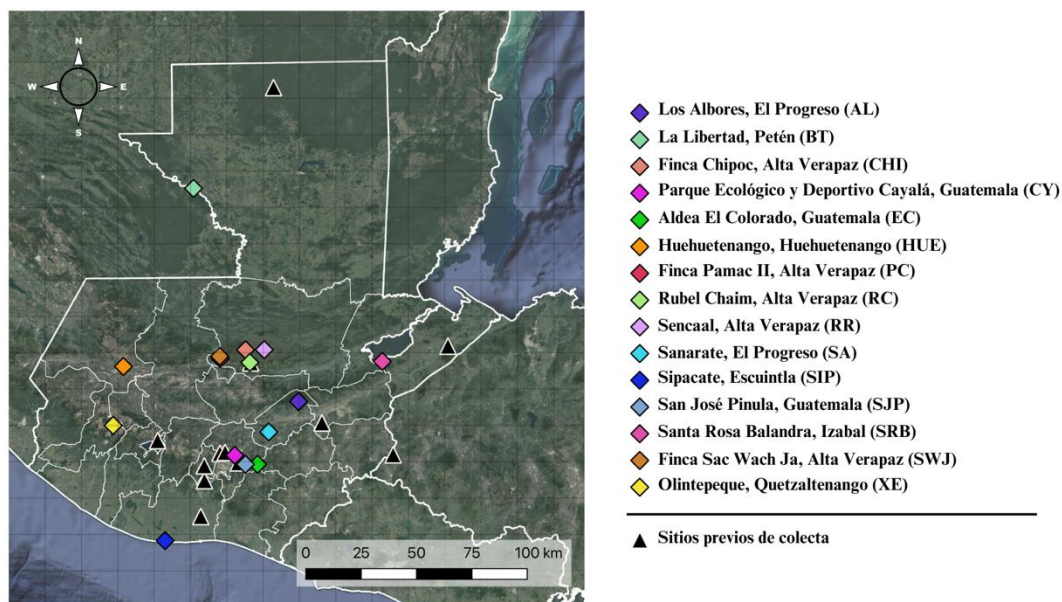


FIGURA 5. Sitios de colecta para este estudio

### B. Clasificación de especímenes

Los especímenes colectados fueron identificados a nivel de género con base en la clave taxonómica para la separación de taxones de Lampyridae de Zaragoza-Caballero *et al.* (2020). Posteriormente, fueron clasificados en morfoespecies con base en características

morfológicas y localidad. Para esto, se observaron con un estereoscopio Leica EZ4 y se tomaron las medidas pertinentes en el Laboratorio de Entomología Sistemática de la Universidad del Valle de Guatemala. Cabe destacar que las morfoespecies identificadas en este estudio fueron clasificadas alfabéticamente, distinguiéndolas de aquellas identificadas en colectas previas y clasificadas numéricamente.

### C. Análisis morfométrico

Se utilizaron 154 luciérnagas de los géneros *Photinus*, *Bicellonycha* y *Photuris* para el análisis morfométrico. Según la disponibilidad de los especímenes colectados, se incluyeron alrededor de diez individuos por morfoespecie. Debido a que no se contaban con suficientes individuos para las morfoespecies de *Aspisoma*, este género fue omitido del análisis. Cada luciérnaga fue fotografiada con una cámara Nikon D7200. A partir de las fotografías, se tomaron las siguientes medidas utilizando el programa *ImageJ* (Schneider *et al.*, 2012):

- Longitud total: medido del ápice del pronoto hasta la base del élitro.
- Ancho de élitro: medido en élitro derecho, sobre el espacio humeral.
- Largo de élitro: medido sobre la parte media del élitro derecho.
- Largo de pronoto: medido sobre la parte media del pronoto.
- Ancho de pronoto: medido sobre la parte más ancha del pronoto.
- Longitud de antena: medido en antena derecha, con base en la suma de la longitud de cada antenómero individual.
- Ancho de cabeza: medido del lado frontal, a partir del extremo inicial de un ojo hasta el extremo final del otro ojo.
- Largo de cabeza: medido del lado frontal, a partir del ápice de la cabeza hasta el inicio de las mandíbulas.
- Ancho de ojo: medido en ojo derecho, en vista lateral.
- Ancho fosa interantenal: medido del lado derecho, en la parte media de la fosa internantenal.
- Ancho distancia interantenal: medido en la parte media del espacio interantenal.
- Ancho distancia interocular: medido del lado frontal.
- Largo de los esternitos cuatro-siete: medido en el extremo derecho de cada esternito.
- Franjas en élitro: número de franjas sobre uno de los élitros.
- Borde en élitro: caracter binario, donde cero indica ausencia y uno indica presencia de borde alrededor de los élitros.

El análisis de la relación entre las medidas se realizó con el paquete *MorphoTools2* en RStudio (Šlenker *et al.*, 2022). Por medio de una prueba de Shapiro-Wilk, se determinó la falta de normalidad en los datos. Por consiguiente, se aplicó una prueba de correlación Spearman para identificar variables altamente correlacionadas. Dos variables se consideraron

como altamente correlacionadas en caso presentaran un coeficiente de correlación igual o mayor a 0.95.

Se procedió a evaluar la variación entre morfoespecies con un escalamiento multidimensional no métrico (NMDS, por sus siglas en inglés) y un análisis de clasificación jerárquica UPGMA (*unweighted pair group method with arithmetic mean*). Adicionalmente, se generaron diagramas de caja para cada uno de los caracteres mencionados anteriormente.

## D. Análisis molecular

### 1. Extracción

Se utilizaron 64 luciérnagas para el análisis molecular. Las luciérnagas fueron maceradas con un micropistilo estéril, removiendo la cabeza y el órgano lumínico para minimizar la contaminación. La extracción del ADN se llevó a cabo con el kit de Promega, *Wizard® Genomic DNA Purification*, siguiendo el protocolo indicado para tejido animal. Luego, se cuantificó y se evaluó la pureza del material genético en un espectrofotómetro de bajo volumen NanoDrop (ThermoFisher). El *buffer* de rehidratación, incluido en el kit comercial, fue utilizado como blanco.

### 2. Amplificación

Se utilizó una alícuota de las muestras de ADN en una concentración de 20 ng/μL para las reacciones de PCR. El volumen total de reacción fue de 15 μL. Los *primers* y programas de PCR seguidos para cada locus se muestran en los Cuadros 1 y 2, respectivamente.

CUADRO 1. Secuencias de *primers*

| Locus | Forward (5'→3')                                   | Reverse (5'→3')                                   | Fuente                            |
|-------|---|---|-----------------------------------|
| COI   | C1-J-1500 (LCO):<br>GGTCAACAAATCATAAAG<br>ATATTGG | C1-N-2150 (HCO):<br>TAAACTTCAGGGTGACCAA<br>AAATCA | Baldwin <i>et al.</i> (1996)      |
| 16S   | LR-J 13020:<br>ACGCTGTTATCCCCAAGGTA               | LR-N-13398:<br>CGCCTGTTTAAACAAAACAT               | Stanger-Hall <i>et al.</i> (2007) |
| 18S   | 18S a0.7:<br>ATTAAAGTTGTTGCGGTT                   | 18Sbi:<br>GAGTCTCGTTCGTTATCGGA                    | Whiting <i>et al.</i> (1997)      |

**CUADRO 2. Programa de PCR por locus**

| <b>Locus</b> | <b>Hot Start</b> | <b>Desnaturalización</b> | <b>Anillamiento</b> | <b>Extensión</b> | <b>Extensión final</b> | <b>Ciclos</b> |
|--------------|------------------|--------------------------|---------------------|------------------|------------------------|---------------|
| <b>COI</b>   | 95 °C – 2 min    | 94 °C – 1 min            | 41.5 °C – 46 s      | 72 °C – 1 min    | 72 °C – 10 min         | 30            |
| <b>16S</b>   | 94 °C – 3 min    | 94 °C – 30 s             | 51 °C – 30 s        | 72 °C – 90 s     | 72 °C – 10 min         | 35            |
| <b>18S</b>   | 95 °C – 3 min    | 94 °C – 45 s             | 55 °C – 1 min       | 72 °C – 1 min    | 72 °C – 10 min         | 30            |

Los productos de PCR fueron evaluados mediante electroforesis. Se utilizaron geles de agarosa al 1 %, los cuales se visualizaron en un transiluminador UV. Los productos se enviaron a la empresa, Macrogen Inc, en Corea del Sur, para su limpieza y secuenciación de Sanger bidireccional.

### 3. Análisis bioinformático

Se hizo una limpieza de las secuencias obtenidas para eliminar porciones no informativas o de baja calidad y se generaron secuencias consenso en Geneious Prime 2025.1.1 (<https://www.geneious.com/biopharma>). Posteriormente, se realizaron alineamientos para COI, 16S y 18S en el mismo programa, integrando las secuencias obtenidas para COI y 18S en los estudios de Echeverría (2022), Gutierrez (2022) y Pérez (2022). Las secuencias del grupo externo a seleccionar se descargaron en *GenBank* (NCBI, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>).

Los modelos evolutivos para cada locus se determinaron a través de *ModelFinder* en IQ-TREE (Kalyaanamoorthy *et al.*, 2017; Minh *et al.*, 2020). Se utilizaron modelos basados en particiones con el fin de considerar la variación en las tasas de sustitución entre diferentes regiones genéticas. A partir de ello, se construyeron árboles filogenéticos bajo los métodos de máxima verosimilitud y de inferencia bayesiana con IQ-TREE (Minh *et al.*, 2020) y MrBayes (Huelsenbeck y Ronquist, 2001), respectivamente. La edición de los árboles generados se realizó con *iTOL* (Letunic y Bork, 2006), manteniendo el largo de ramas, el cual refleja la tasa de sustituciones por sitio entre taxones. Las ramas se transformaron en los árboles filogenéticos anexos para una mejor visualización. Los mismos muestran los valores del largo de ramas en la parte superior y los valores de *bootstrap* o probabilidad posterior en la parte inferior de cada rama (Figuras 118-125).

### E. Modelación de distribución potencial para *Photinus schusteri*

Estudios recientes sobre luciérnagas en Guatemala revelaron indicios de varias especies no descritas para el país. Específicamente, Catalán *et al.* (in rev.) describen cuatro especies nuevas del género *Photinus*, mediante análisis morfométricos y genéticos. Entre ellas, se describe a *Photinus schusteri*. Como seguimiento al posicionamiento filogenético y la descripción morfológica generada, se realizó una modelación de distribución geográfica potencial para la morfoespecie.

Se recopilaron datos de localidad de *P. schusteri*, para Guatemala a partir de especímenes depositados en la Colección de Artrópodos de la Universidad del Valle de Guatemala. Estos se complementaron con localidades adicionales registradas durante la etapa de colecta. Los datos se organizaron en un archivo de valores separados por comas, incluyendo la especie, longitud y latitud. Para generar los mapas de ocurrencia, se utilizó el programa QGIS Lima v.3.32 sobreponiendo las localidades conocidas sobre capas en formato vectorial de Guatemala. Adicionalmente, se obtuvieron datos de 19 variables ambientales relacionadas con patrones de temperatura y precipitación de la base de datos *WorldClim* (Fick & Hijmans, 2017).

La modelación de distribución potencial se llevó a cabo con el programa MaxEnt v.3.4.4, considerando las localidades recopiladas y las variables ambientales (Phillips *et al.*, 2006). Los modelos se generaron utilizando la configuración predeterminada del programa. A partir del análisis inicial, se seleccionaron las variables cuyo porcentaje de contribución sumara al menos un 75 % y cuyo porcentaje de permutación fuese al menos 10 para una segunda modelación. El modelo resultante fue validado con base en validación cruzada y el análisis de área bajo la curva ROC.

Finalmente, los mapas generados por MaxEnt fueron exportados a QGIS para plasmar la probabilidad de ocurrencia de la luciérnaga en Guatemala. De igual manera, se generó un mapa binario con base en el valor de corte “10 percentile training presence” para delimitar el área de distribución potencial.

## VI. RESULTADOS

### A. Clasificación de morfoespecies

Se identificaron un total de 19 morfoespecies a partir de las luciérnagas colectadas. A continuación, se presentan los mapas de distribución de las morfoespecies (Figuras 6, 15, 22 y 26). Asimismo, se presentan las fotografías de referencia para cada morfoespecie. De estas, ocho corresponden al género *Photinus* (Figuras 7-14), seis corresponden al género *Bicellonycha* (Figuras 16-21), tres corresponden al género *Photuris* (Figuras 23-25) y dos corresponden al género *Aspisoma* (Figuras 27 y 28).

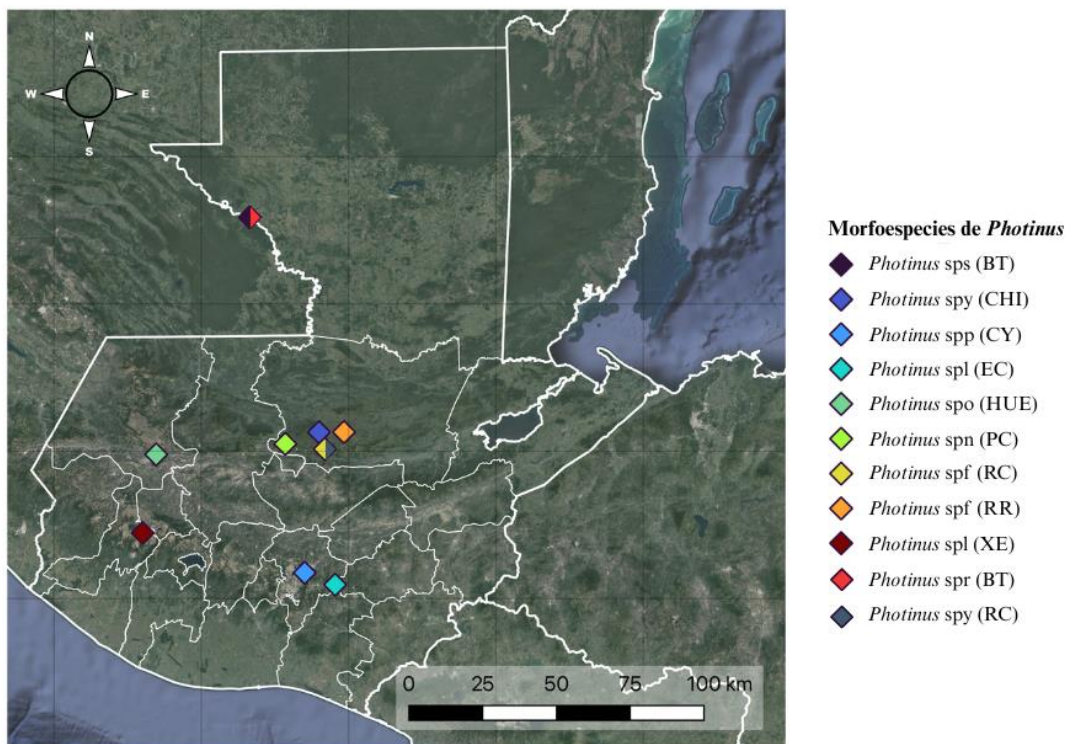


FIGURA 6. Distribución de las morfoespecies de *Photinus* colectadas

## 1. Fotografías de morfoespecies de *Photinus*

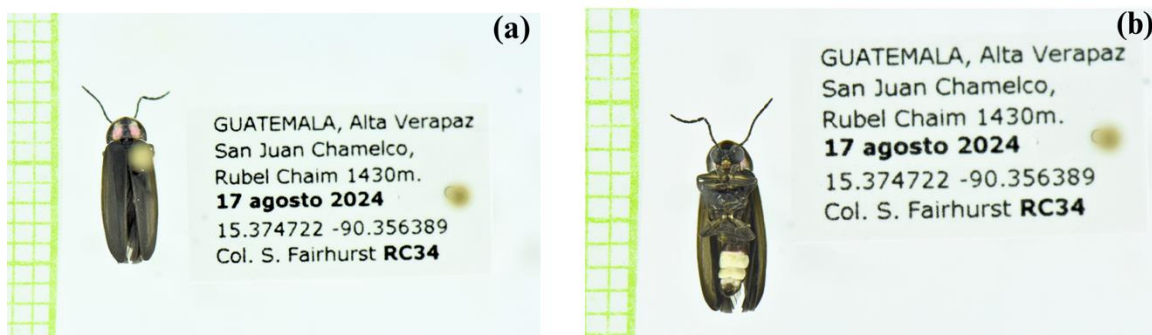


FIGURA 7. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. f

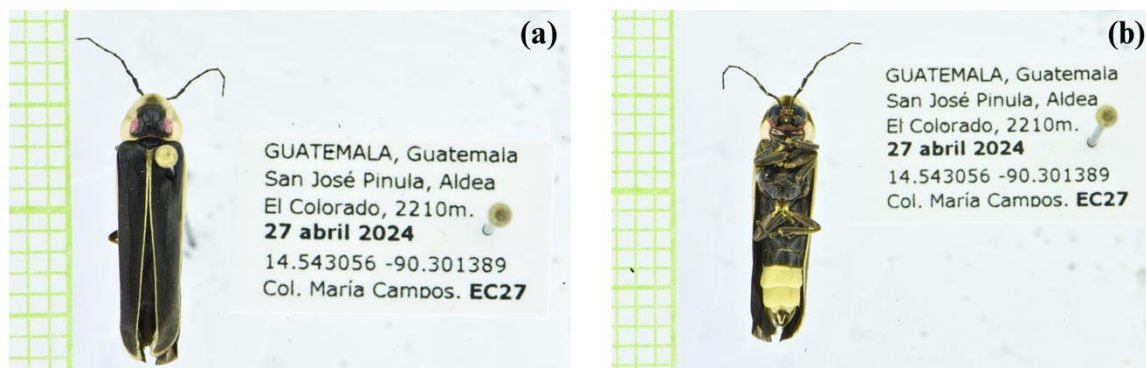


FIGURA 8. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. l

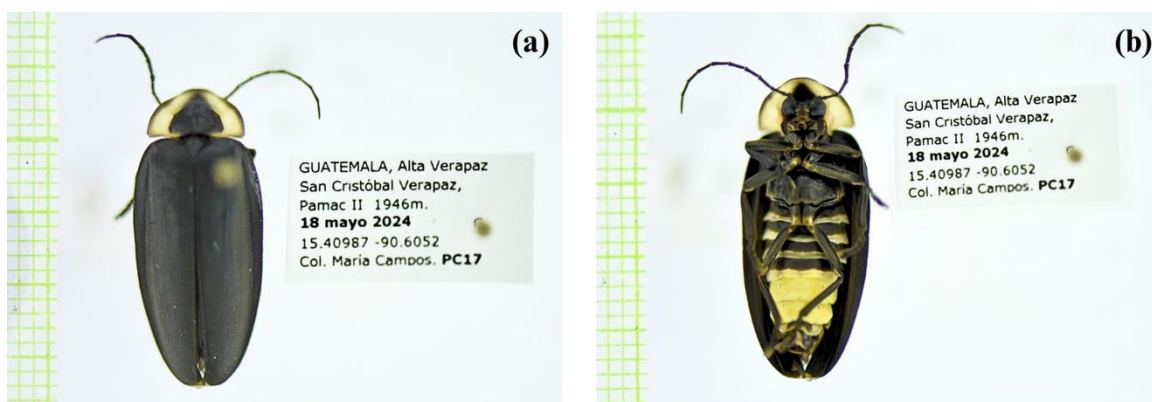


FIGURA 9. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. n



FIGURA 10. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. o



FIGURA 11. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. p

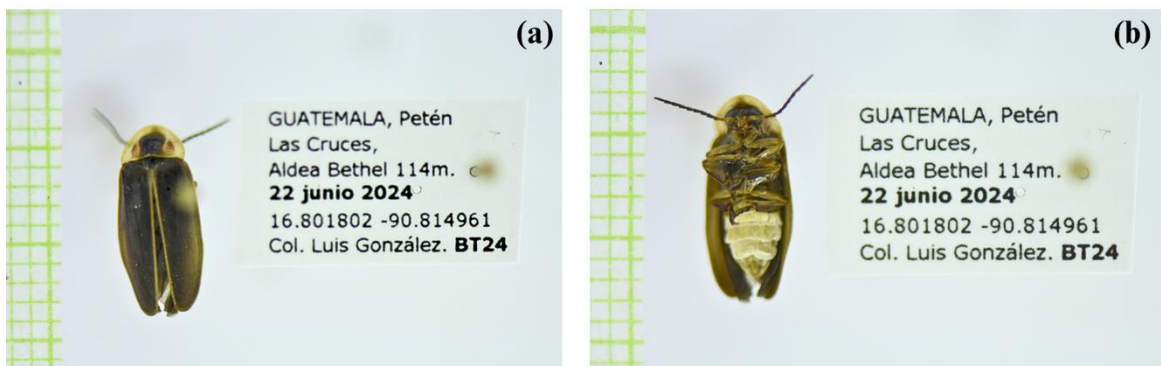


FIGURA 12. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. r

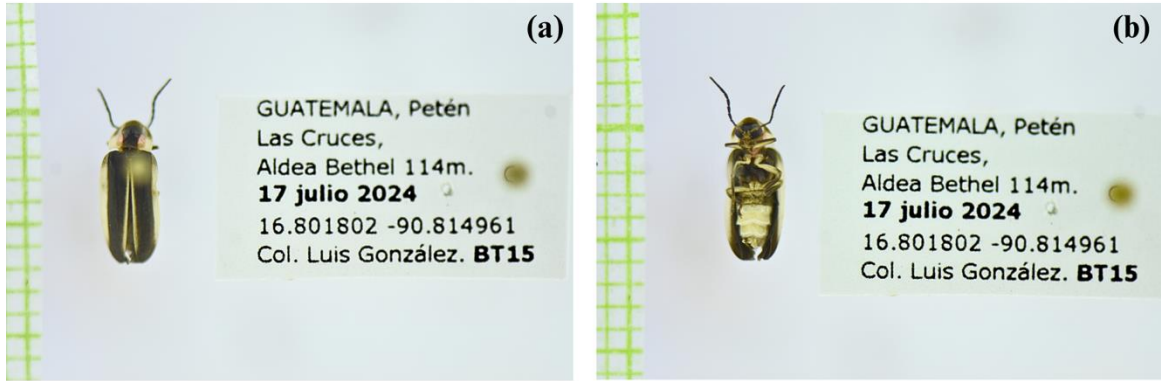


FIGURA 13. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. s

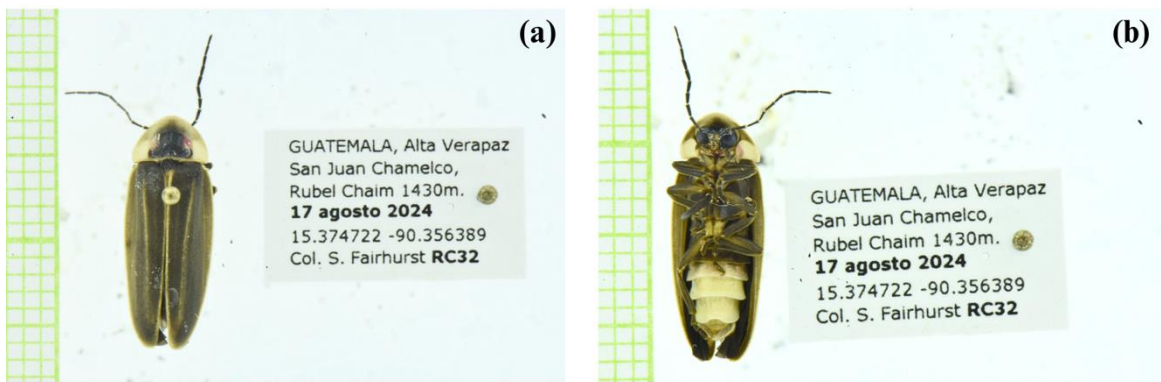


FIGURA 14. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photinus* sp. y

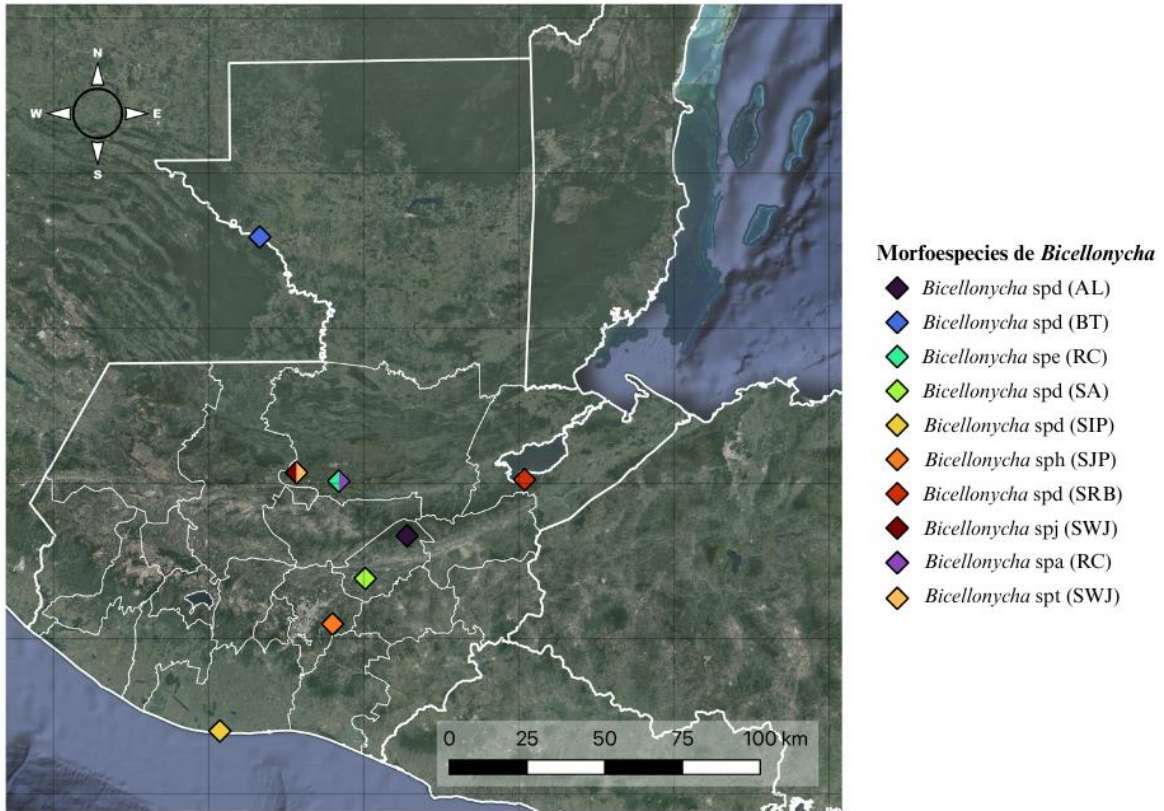


FIGURA 15. Distribución de las morfoespecies de *Bicellonycha* colectadas

## 2. Fotografías de morfoespecies de *Bicellonycha*



FIGURA 16. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. a

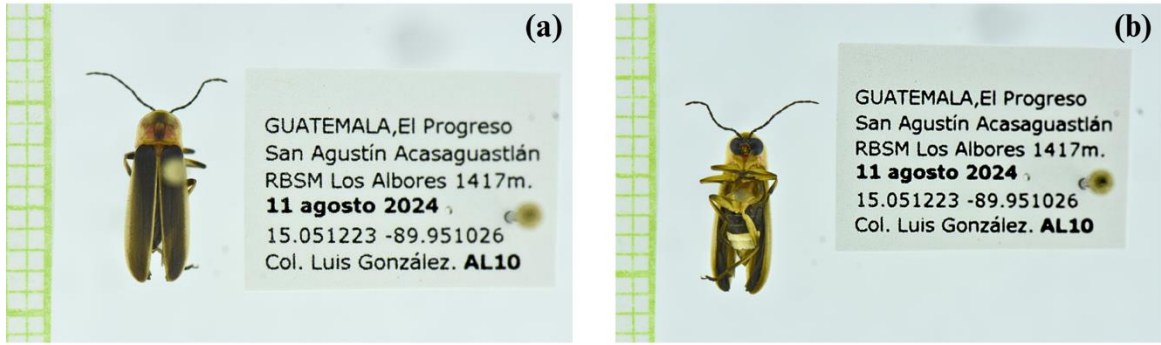


FIGURA 17. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. d



FIGURA 18. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. e

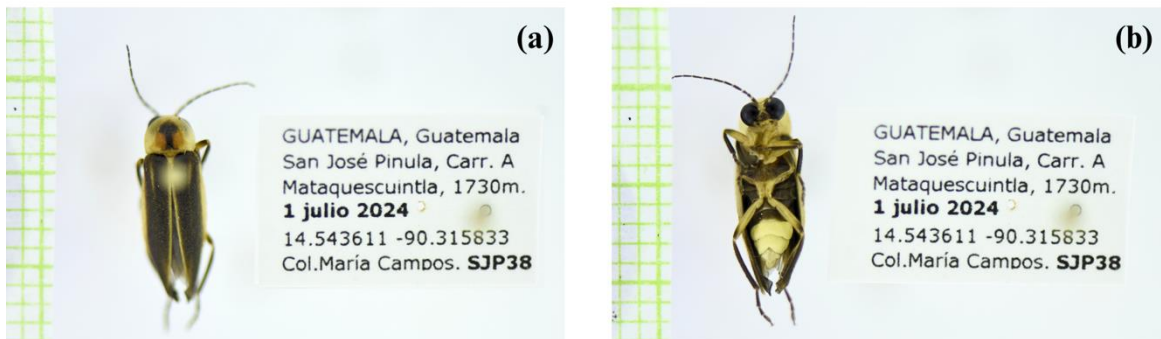


FIGURA 19. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. h

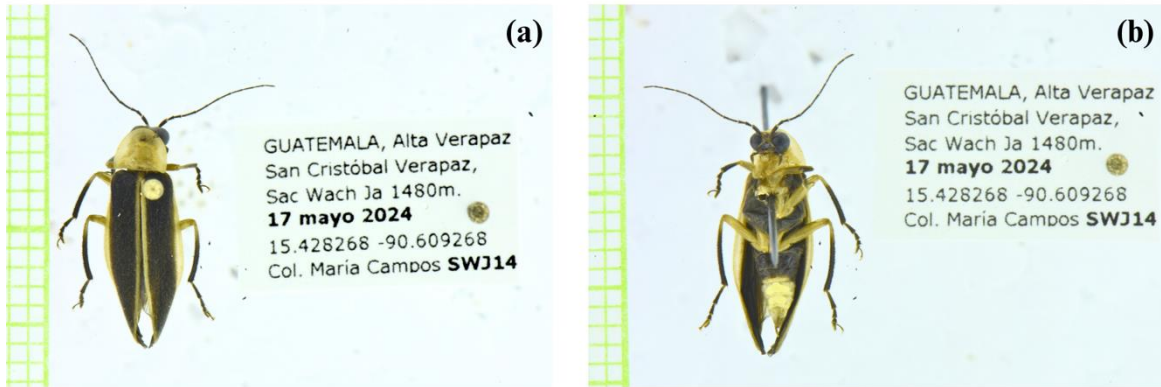


FIGURA 20. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. j

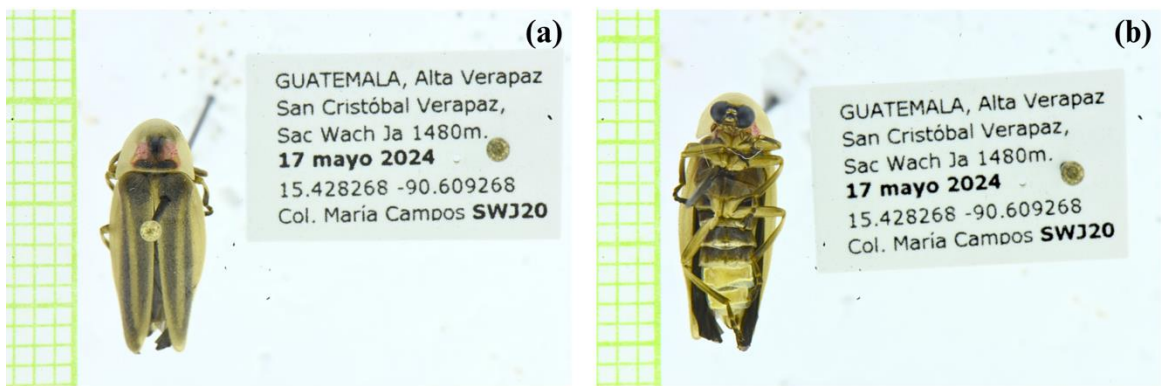
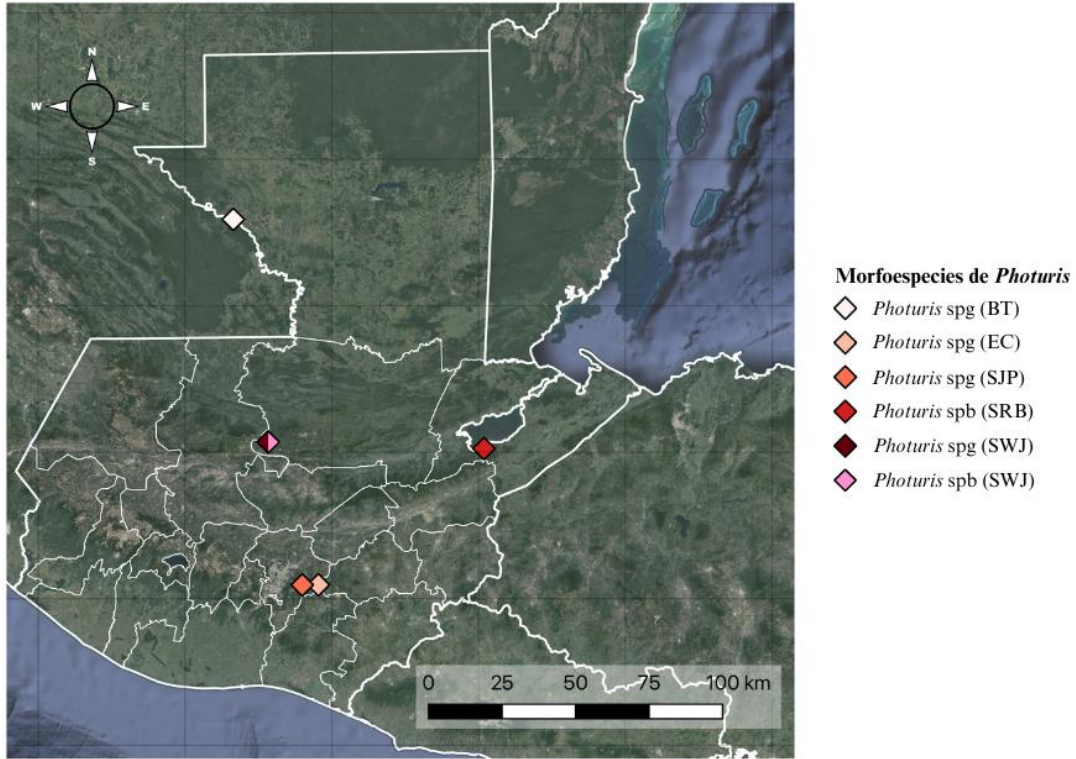
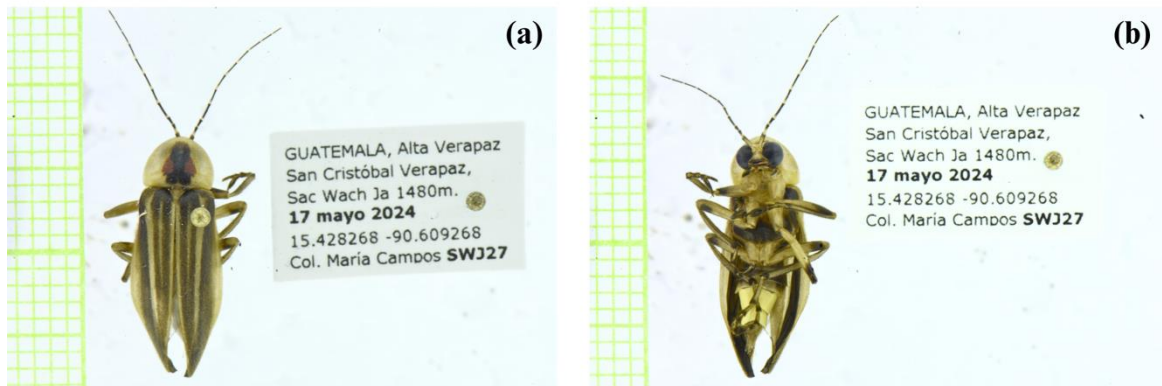


FIGURA 21. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. t



**FIGURA 22.** Distribución de las morfoespecies de *Photuris* colectadas

### 3. Fotografías de morfoespecie de *Photuris*



**FIGURA 23.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photuris* sp. b

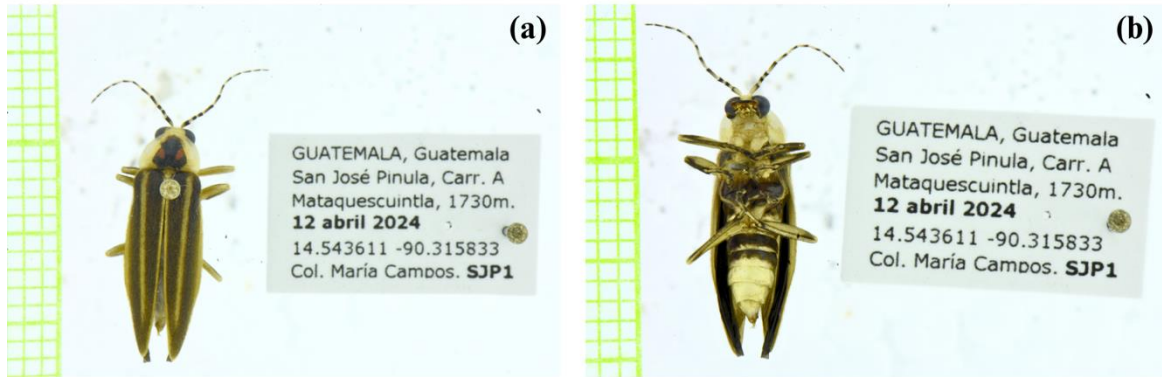


FIGURA 24. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photuris* sp. g



FIGURA 25. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Photuris* sp. m

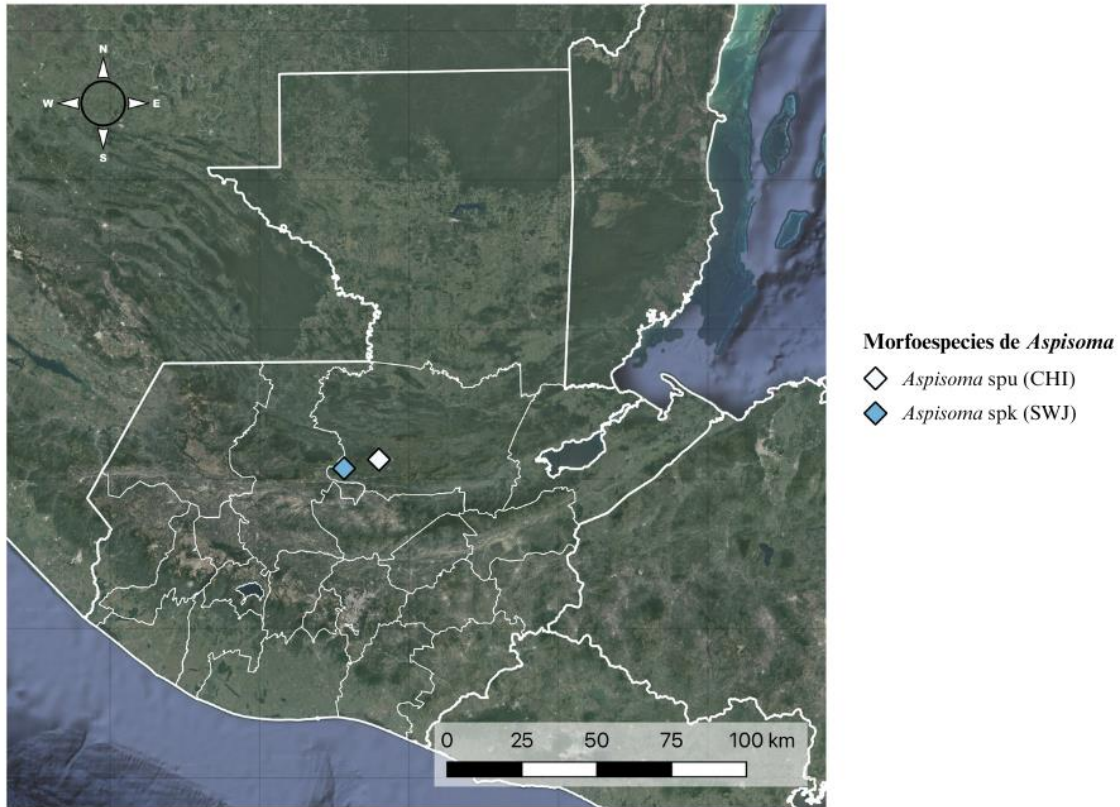


FIGURA 26. Distribución de las morfoespecies de *Aspisoma* colectadas

#### 4. Fotografías de morfoespecies de *Aspisoma*



FIGURA 27. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Aspisoma* sp. k



FIGURA 28. Morfología dorsal (a) y ventral (b) de la morfoespecie *Aspisoma* sp. u

## B. Análisis morfométrico

### 1. Análisis morfométrico de *Photinus*

Dos variables se consideraron como altamente correlacionadas en caso presentaran un coeficiente de correlación igual o mayor a 0.95. En este caso, la longitud total y el largo del élitro presentaron una correlación de 0.99, mientras que el ancho del élitro y el ancho del pronoto presentaron una correlación de 0.97 (Figura 29). Por consiguiente, las variables de longitud total y ancho del élitro fueron eliminadas de los análisis posteriores.

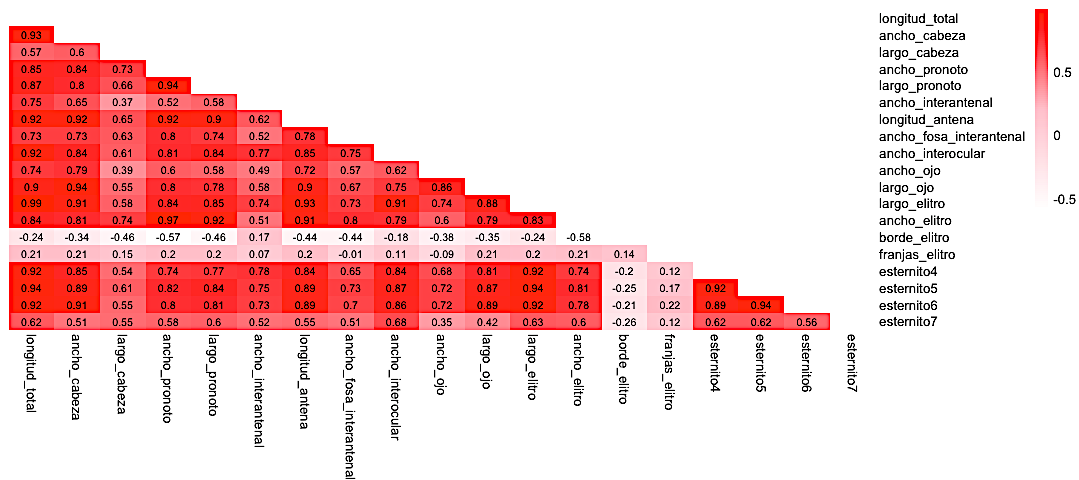
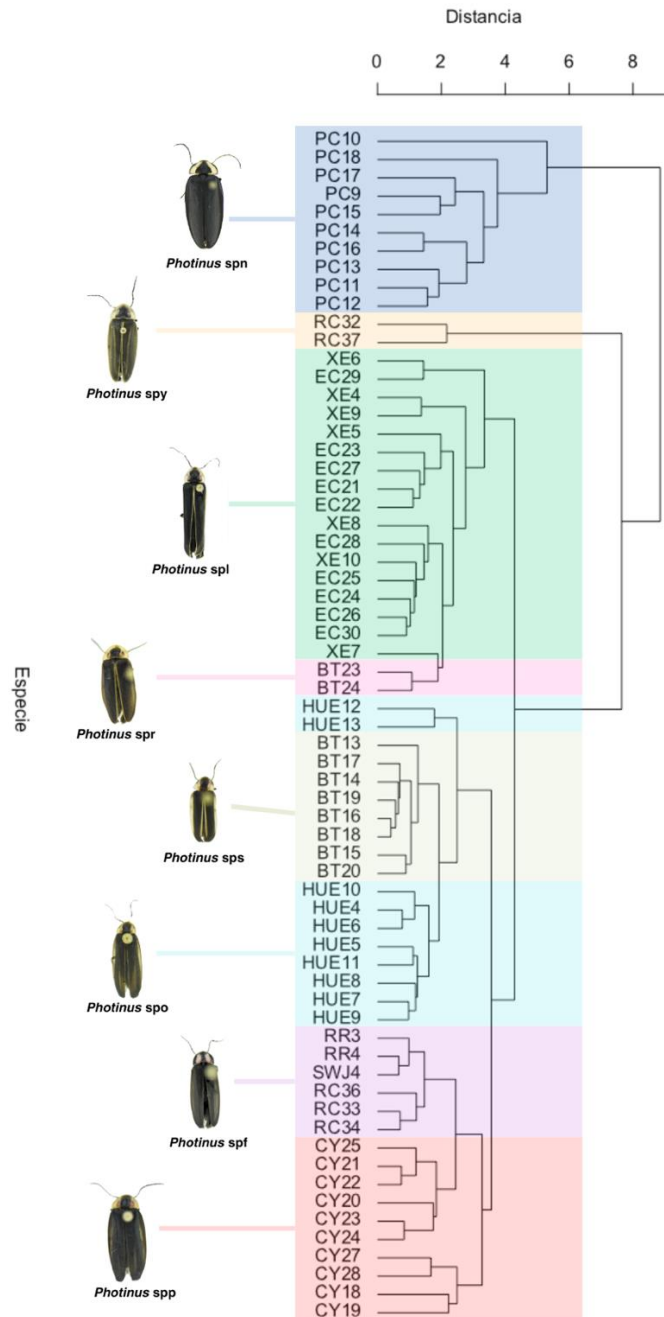


FIGURA 29. Correlación Spearman de variables morfométricas en *Photinus*

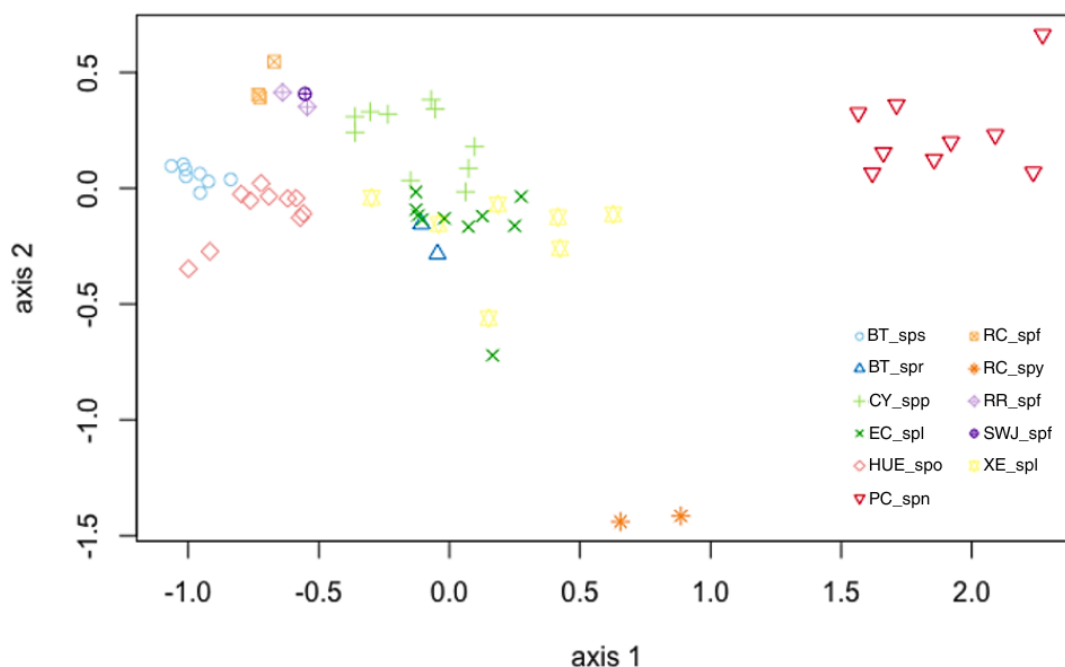
El dendrograma del análisis de clasificación jerárquica UPGMA muestra las relaciones morfológicas de las morfoespecies de *Photinus* (Figura 30). Los resultados obtenidos muestran un agrupamiento claro entre la mayoría de morfoespecies. Se puede observar que

*Photinus* sp. n es la morfoespecie más distintiva. Por otra parte, casos como *Photinus* sp. l (EC y XE) y *Photinus* sp. f (RR, SWJ y RC) confirman su pertenencia a una misma morfoespecie al formar un mismo clado con sus conespecíficos, pese a provenir de localidades distintas. Sin embargo, se puede observar también el caso de *Photinus* sp. o (HUE) cuyos individuos HUE12 y HUE13 no se agrupan con el resto.



**FIGURA 30. Dendrograma UPGMA basado en distancia Euclídeana de variables morfométricas de *Photinus***

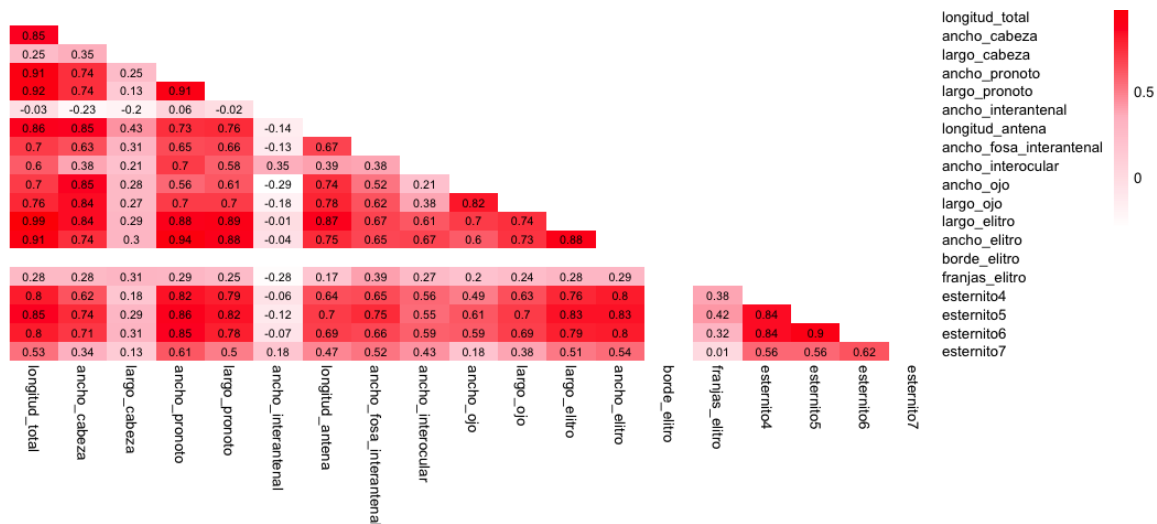
En concordancia con el análisis UPGMA, el análisis NMDS muestra un agrupamiento cercano entre especímenes de una misma morfoespecie (Figura 31). *Photinus* sp. n (PC) se evidencia nuevamente como la más distante morfológicamente del resto, al igual que *Photinus* sp. y (RC). De igual manera, se muestran agrupamientos entre los individuos de *Photinus* sp. l (EC y XE) y *Photinus* sp. f (RR, SWJ y RC). No obstante, se observa cierto solapamiento de *Photinus* sp. l con agrupamientos de otras morfoespecies como *Photinus* sp. p (CY) y *Photinus* sp. r (BT).



**FIGURA 31. Análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en variables morfométricas de *Photinus***

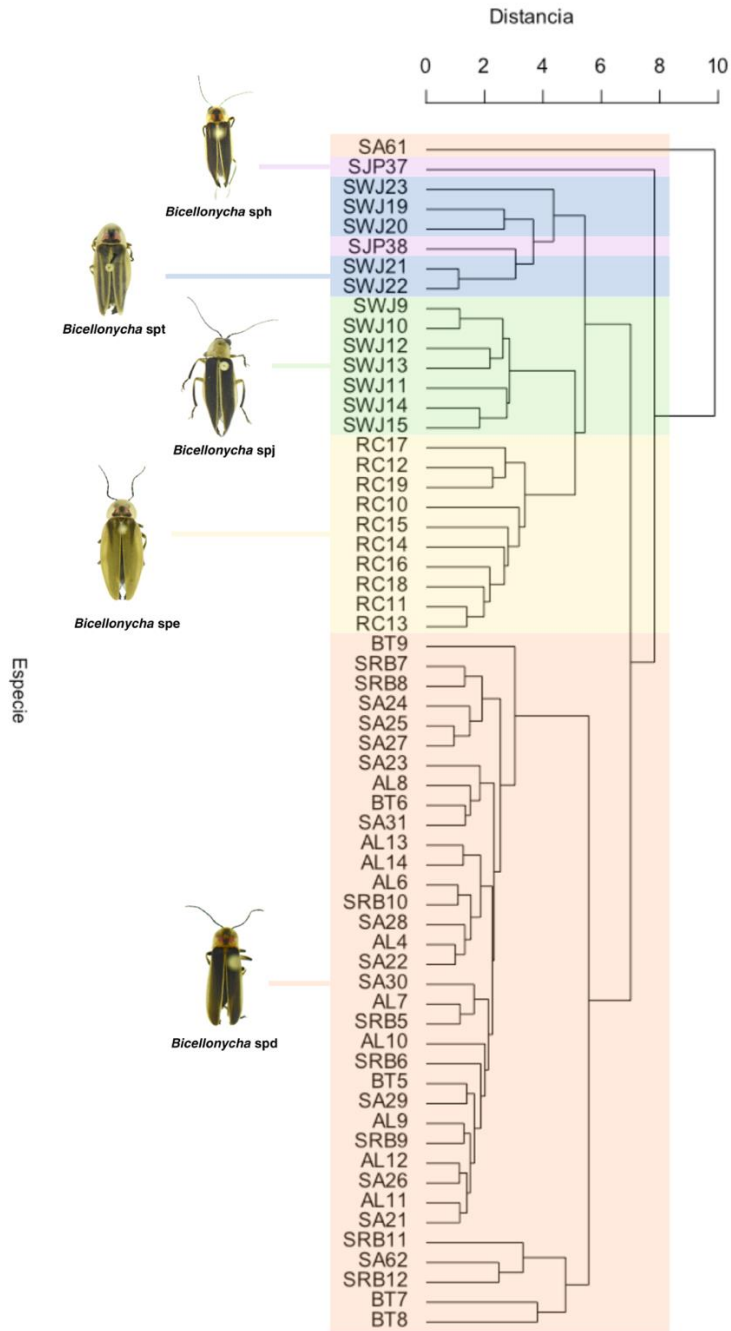
## 2. Análisis morfométrico de *Bicellonycha*

Para el caso de las variables morfométricas de *Bicellonycha*, se observó una correlación alta entre la longitud total y el largo del élitro (Figura 32). Debido a que estas variables presentaron un coeficiente de correlación igual a 0.99, se omitió la longitud total en los análisis posteriores.



**FIGURA 32. Correlación Spearman de variables morfométricas en *Bicellonycha***

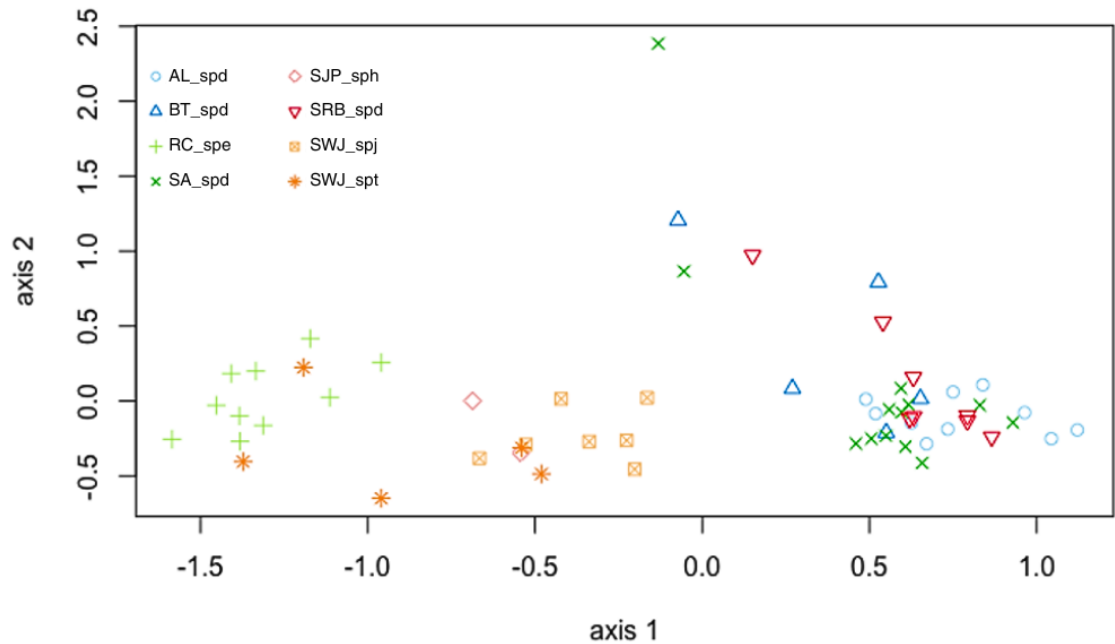
El dendrograma del análisis de clasificación jerárquica UPGMA muestra las relaciones morfológicas de las morfoespecies de *Bicellonycha* (Figura 33). En general, se observan agrupamientos claros para todas las morfoespecies, con excepción de *Bicellonycha* sp. h (SJP) y *Bicellonycha* sp. d (SA). A pesar de esta salvedad, cabe resaltar que el resto de *Bicellonycha* sp. d se posiciona en un mismo agrupamiento pese a englobar especímenes provenientes de cuatro localidades distintas.



**FIGURA 33. Dendrograma UPGMA basado en distancia Euclídeana de variables morfométricas de *Bicellonycha***

Los resultados del análisis NMDS coincidieron en términos generales con el dendrograma UPGMA (Figura 34). Puede observarse un claro agrupamiento de *Bicellonycha* sp. d, independientemente de la localidad de origen. Aunque ciertos especímenes de la morfoespecie se posicionan de manera más dispersa. Por su parte, *Bicellonycha* sp. t (SWJ)

muestra un agrupamiento disperso que se sobrelapa con los grupos de *Bicellonycha* sp. e (RC), sp. h (SJP) y sp. j (SWJ).



**FIGURA 34.** Análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en variables morfométricas de *Bicellonycha*

### 3. Análisis morfométrico de *Photuris*

Con respecto a las variables morfométricas de *Photuris*, se determinó que el ancho del pronoto y el ancho del élitro están altamente correlacionados, puesto que presentan un coeficiente de correlación de 0.95 (Figura 35). Por lo tanto, se eliminó la variable del ancho del élitro para análisis posteriores.

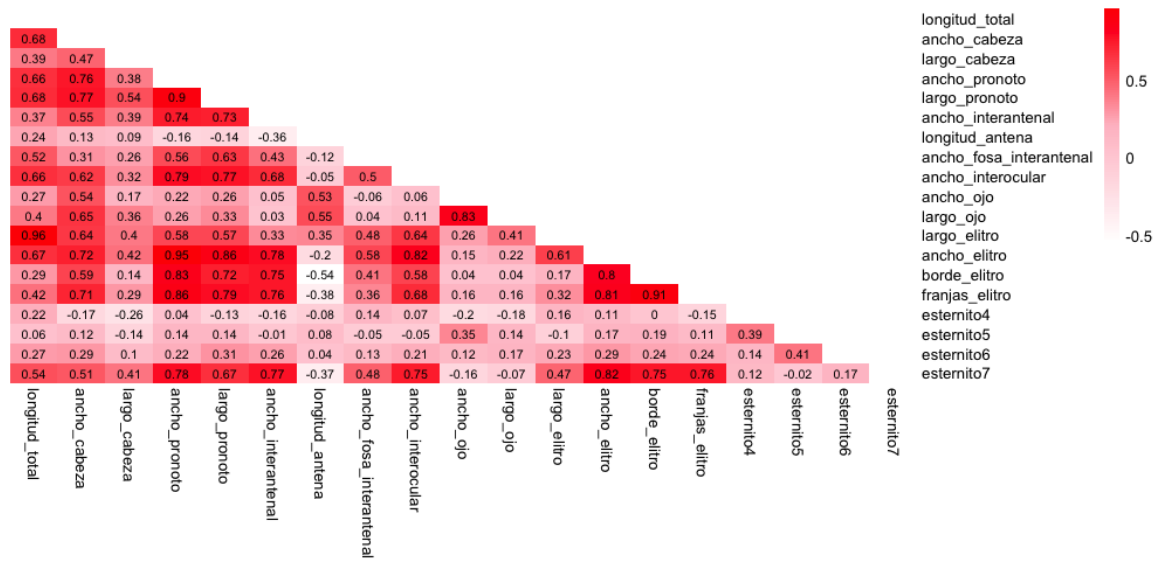
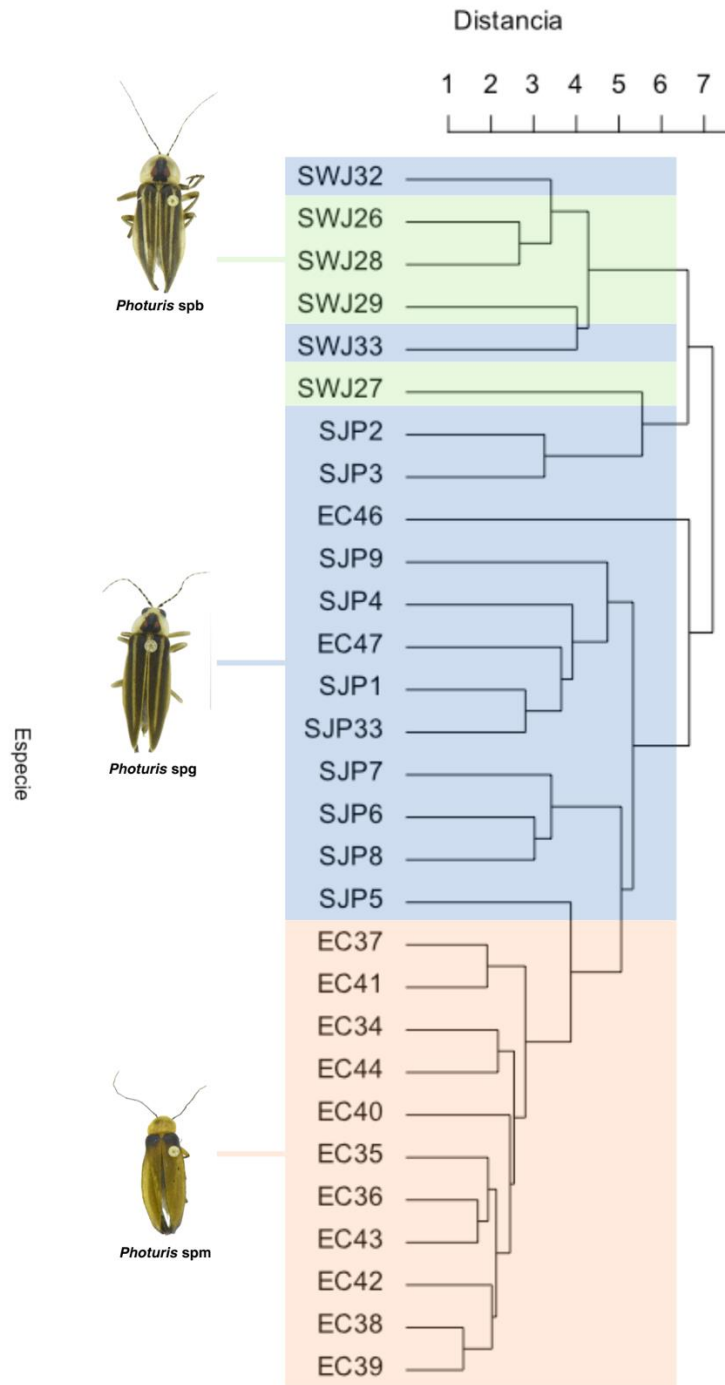


FIGURA 35. Correlación Spearman de variables morfométricas en *Photuris*

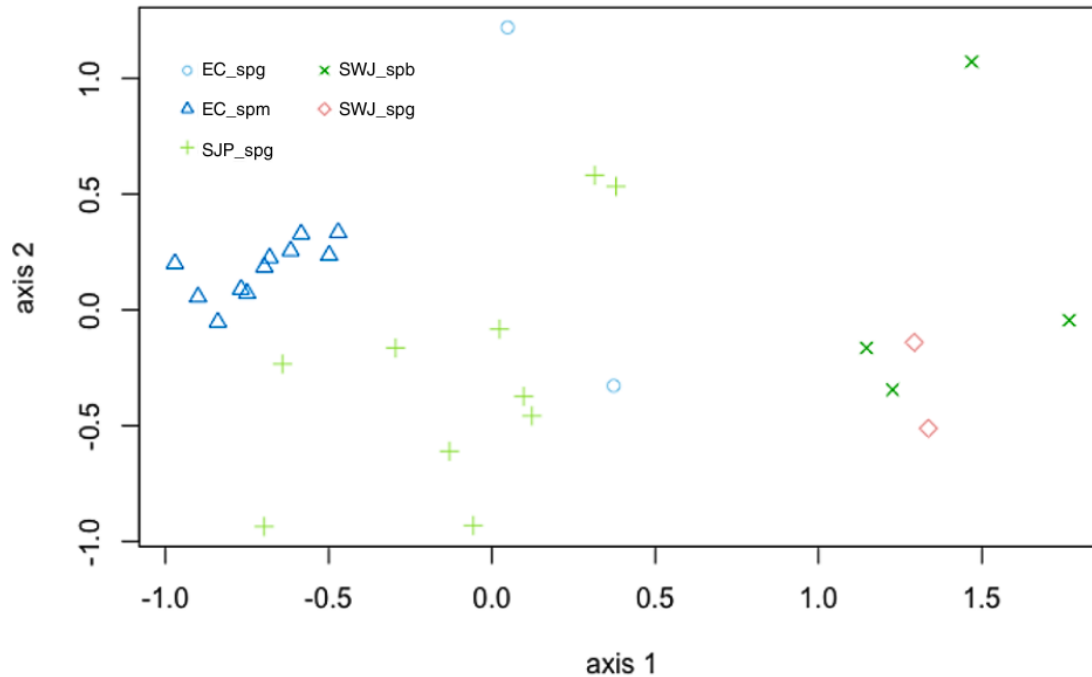
El dendrograma del análisis de clasificación jerárquica UPGMA muestra las relaciones morfológicas de las morfoespecies de *Photuris* (Figura 36). El análisis muestra una agrupación marcada de *Photuris* sp. m (EC) y la mayor parte de *Photuris* sp. g provenientes de SJP y EC. En contraste, pueden observarse resultados más difusos para el caso de *Photuris* sp. g y *Photuris* sp. b provenientes de SWJ.



**FIGURA 36. Dendrograma UPGMA basado en distancia Euclídeana de variables morfométricas de *Photuris***

El análisis NMDS de las morfoespecies de *Photuris* muestra agrupamientos similares a los reflejados en el dendrograma (Figura 37). Según lo representado en el análisis,

únicamente *Photuris* sp. m (EC) evidencia un agrupamiento cercano. Por su parte se observan agrupamientos más dispersos para *Photuris* sp. g y sp. b. No obstante, cabe resaltar una separación marcada entre los especímenes de EC/SJP y los de SWJ.



**FIGURA 37. Análisis de escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) basado en variables morfométricas de *Photuris***

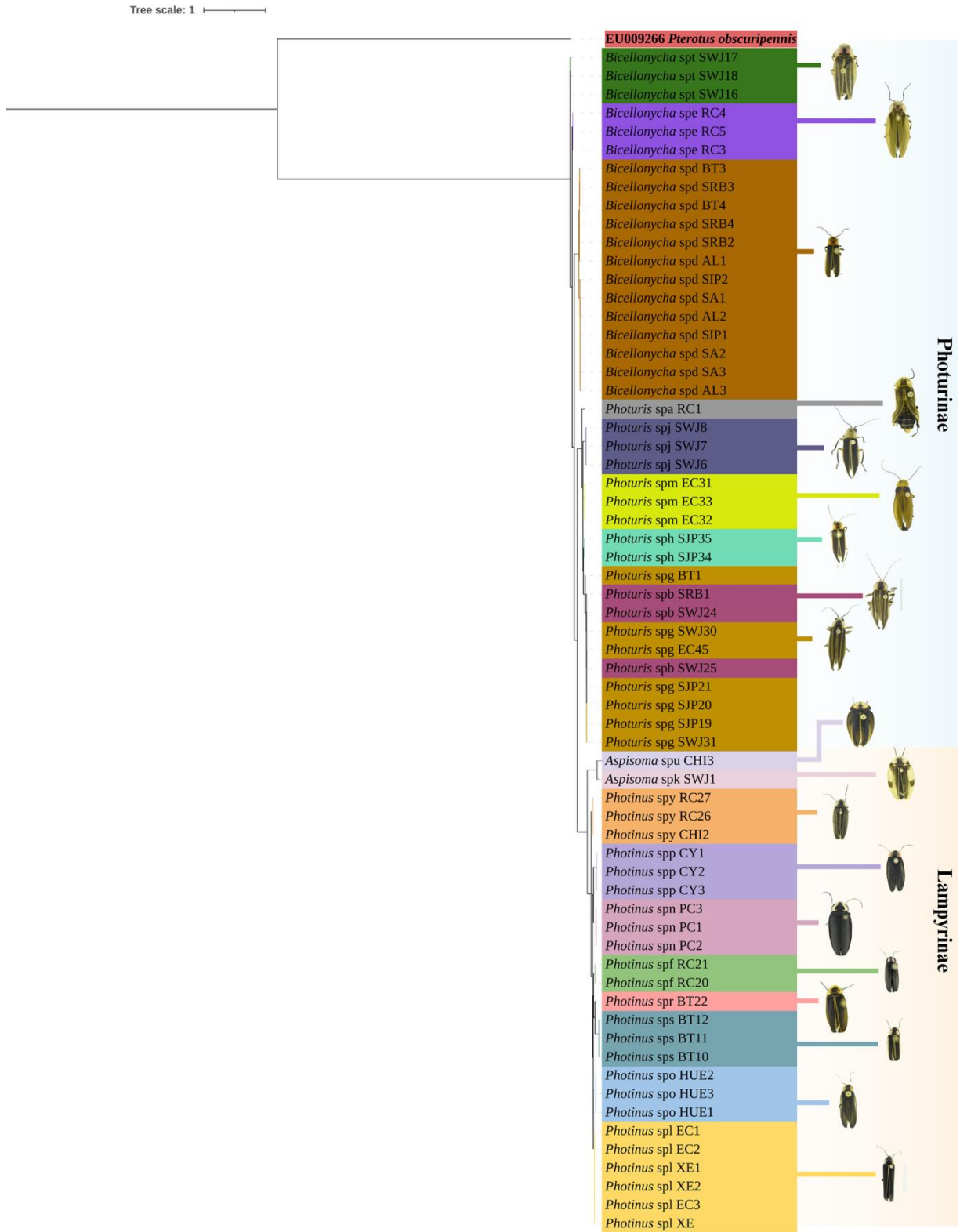
### C. Análisis molecular

Las relaciones filogenéticas de las luciérnagas se evaluaron con métodos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana, a partir de secuencias de los marcadores moleculares 16S, COI y 18S, así como alineamientos resultantes de la concatenación de estos. La especie *Pterotus obscuripennis*, perteneciente a la subfamilia Pterotinae de la familia Lampyridae, fue seleccionada como grupo externo debido a su pertenencia a una subfamilia ajena a las analizadas en el presente estudio (códigos de acceso: EU009266, EU009303 y EU009229). El modelo evolutivo aplicado para el marcador 16S fue TPM2u+F+G4. En el caso del marcador COI, los modelos evolutivos aplicados fueron TIM+F+I+G4 para el codón uno y GT+F+I+G4 para los codones dos y tres. Por su parte, el modelo evolutivo aplicado para el marcador 18S fue F82+F+I. Los árboles filogenéticos resultantes muestran su escala respectiva la cual refleja la tasa de sustituciones por sitio entre taxones en el largo de las ramas.

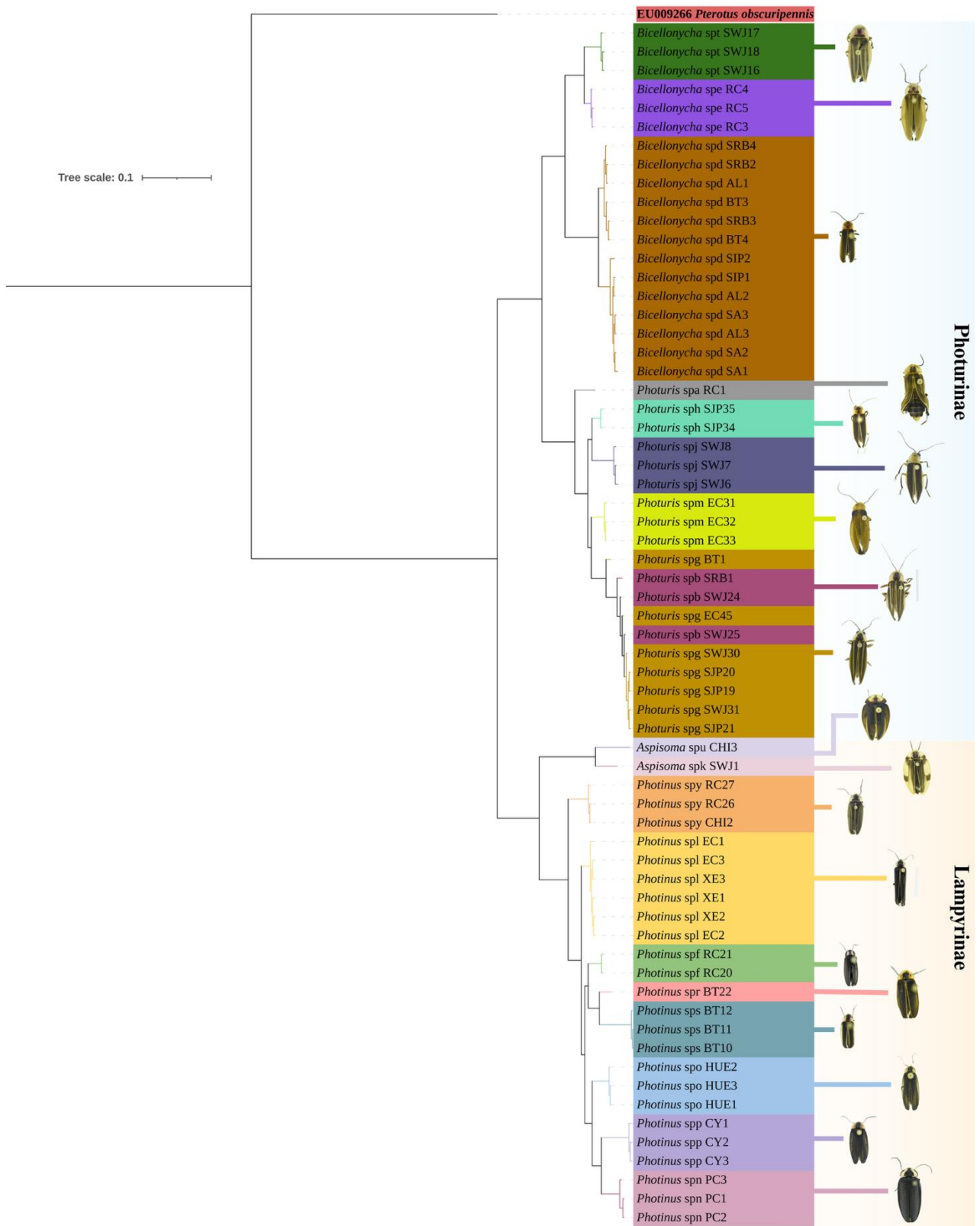
A nivel de subfamilia, se observa una topología constante en todos los árboles de los marcadores mitocondriales, 16S y COI, donde se separan los géneros *Photuris* y *Bicellonycha* (subfamilia Photurinae) de los géneros *Aspisoma*, *Photinus* y *Ellychnia* (subfamilia Lampyrinae) con un soporte de moderado a fuerte (UFBoot:  $\geq 85$ ; PP:  $\geq 71$  %) (Figuras 38-41). Al considerar la subfamilia Lampyrinae, los resultados muestran una tendencia similar en las relaciones de las distintas morfoespecies. Ambas morfoespecies de *Aspisoma* generan un clado por sí solas, pero presentan una alta distancia genética entre sí. Con respecto a *Photinus*, se observan cambios leves en la topología de los árboles COI y concatenados, como en el caso de la morfoespecies sp. p y sp. o. Asimismo, cabe resaltar que las morfoespecies sp. f, sp. l y sp. y se posicionan en clados conjuntos a las secuencias de estudios anteriores.

Por su parte, la subfamilia Photurinae presenta mayor variación en su topología en los distintos árboles. En el caso del género *Bicellonycha*, las morfoespecies sp. h, sp. a y sp. j se posicionan dentro de un mismo clado con *Photuris* (Figuras 126-133). El soporte para este agrupamiento varía entre los distintos árboles, rondando entre moderado y alto (UFBoot: 68-97; PP: 89-91 %). Por lo tanto, estas morfoespecies fueron renombradas bajo el género de *Photuris*, como se refleja en los árboles filogenéticos (Figuras 38-45). Asimismo, las morfoespecies sp. g y sp. b del género *Photuris* se agrupan de manera distinta al comparar los árboles de 16S con los árboles COI y concatenados. Nuevamente, morfoespecies como *Bicellonycha* sp. e, *Bicellonycha* sp. d, *Photuris* sp. g y *Photuris* sp. b se posicionan en clados conjuntos a las secuencias de estudios anteriores.

Los árboles filogenéticos del marcador nuclear 18S mostraron una topología incongruente con respecto a los marcadores mitocondriales (Figuras 42 y 43). No se observan agrupamientos claros conforme a las morfoespecies identificadas. Adicionalmente, los valores de soporte de estas reconstrucciones fueron bajos para la mayoría de los nodos (UFBoot: 13-98; PP: 0-96 %). Finalmente, los árboles resultantes de la concatenación de los tres marcadores mostraron una topología similar a la observada a partir de los marcadores mitocondriales, consistente a nivel de subfamilia y con respecto a las morfoespecies identificadas (Figuras 44 y 45).



**FIGURA 38.** Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones.



**FIGURA 39. Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones**

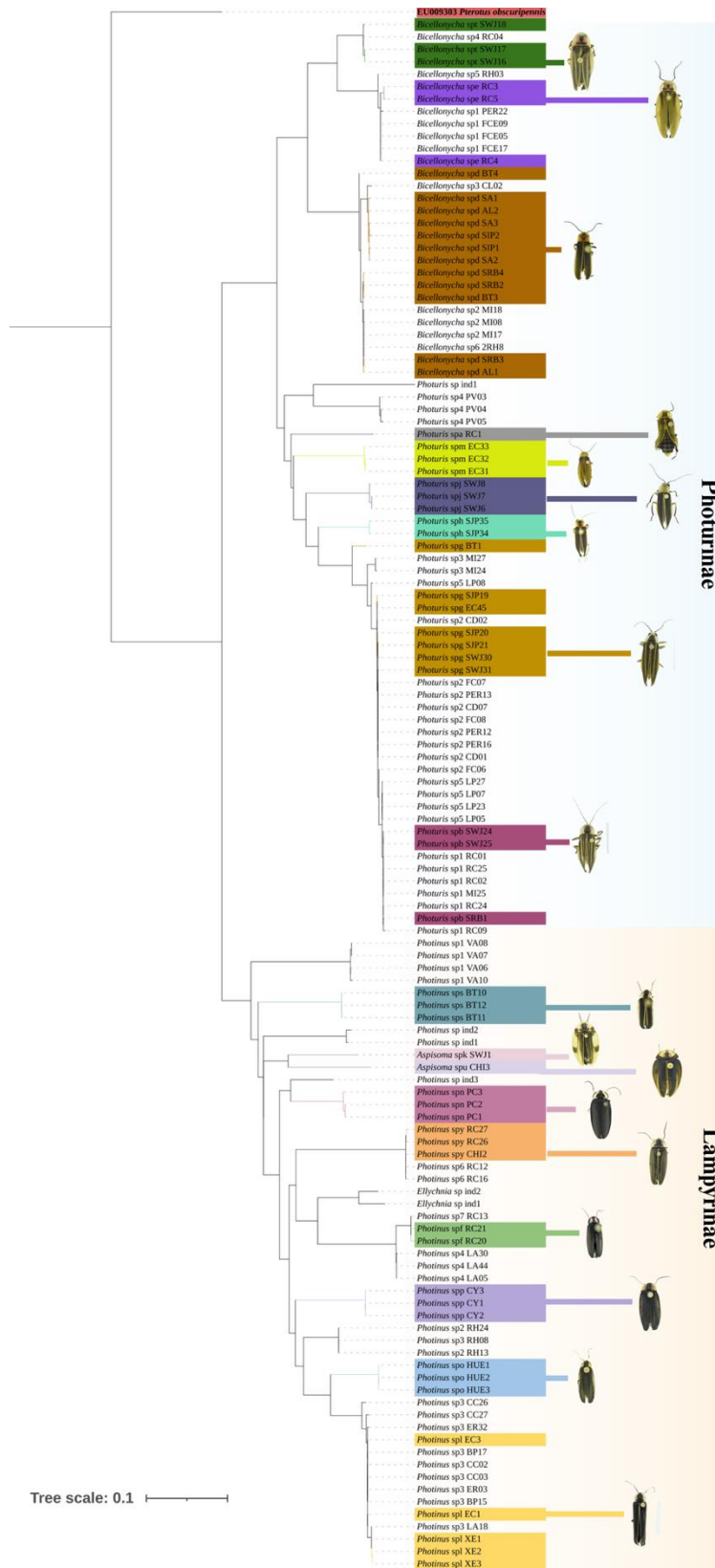


FIGURA 40. Árbol filogenético del gen COI generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones

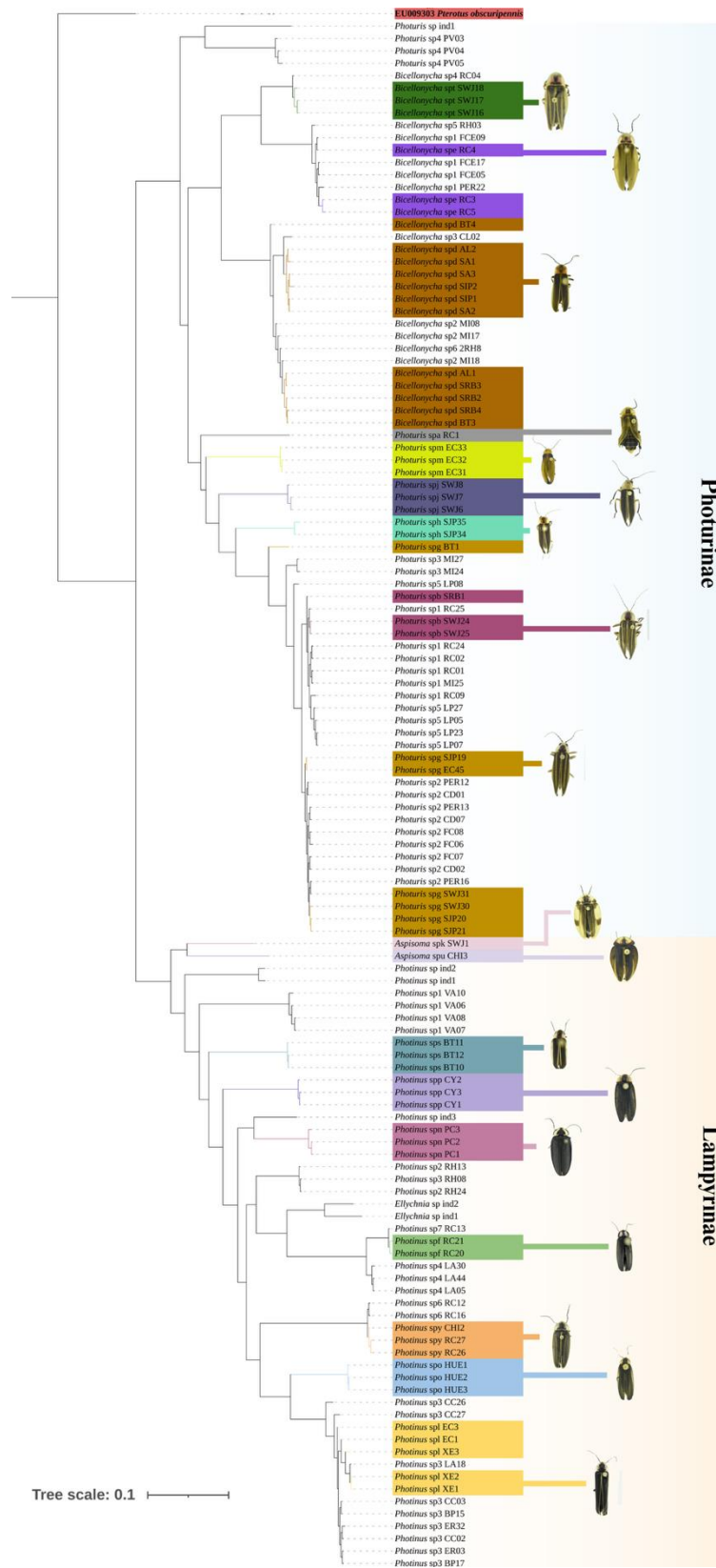
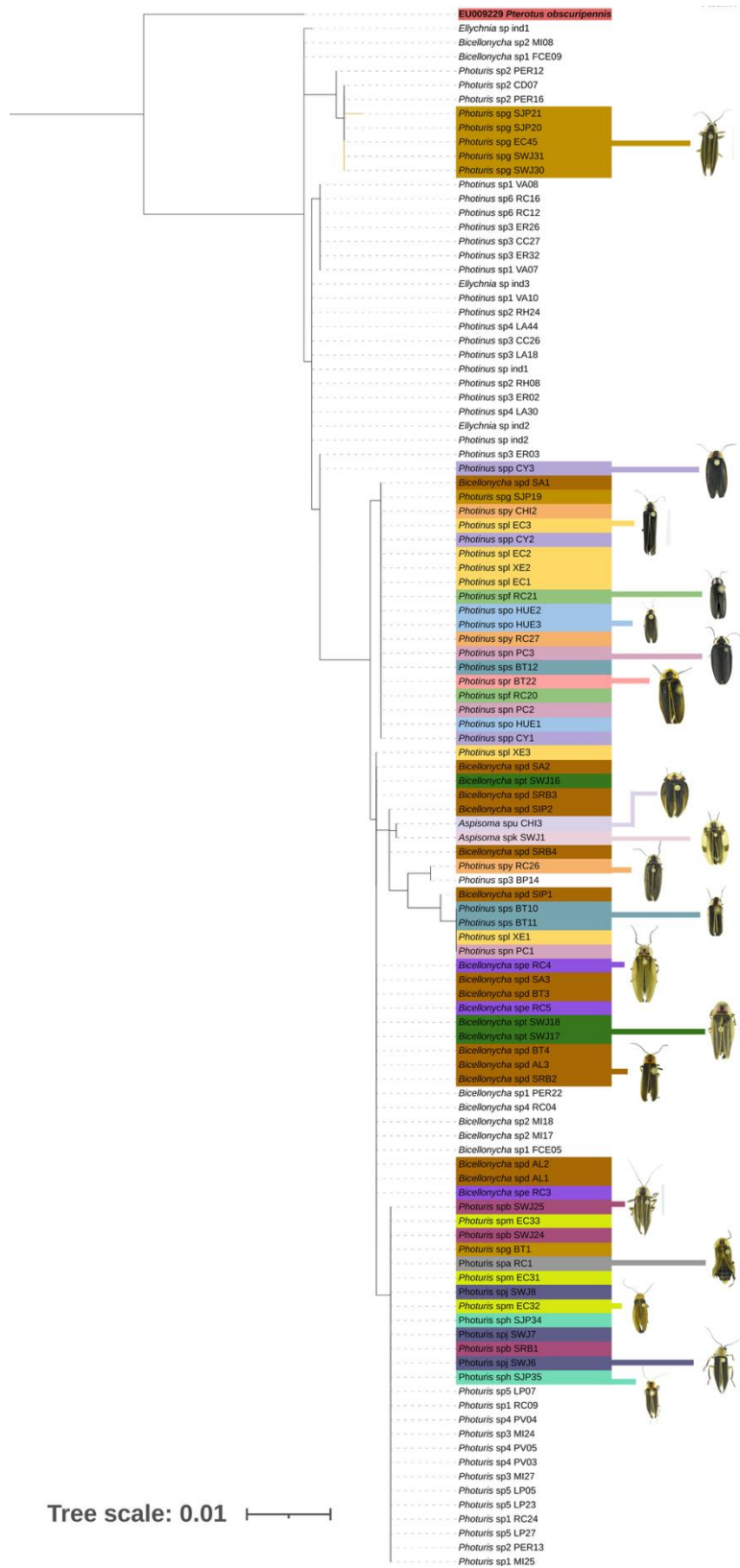
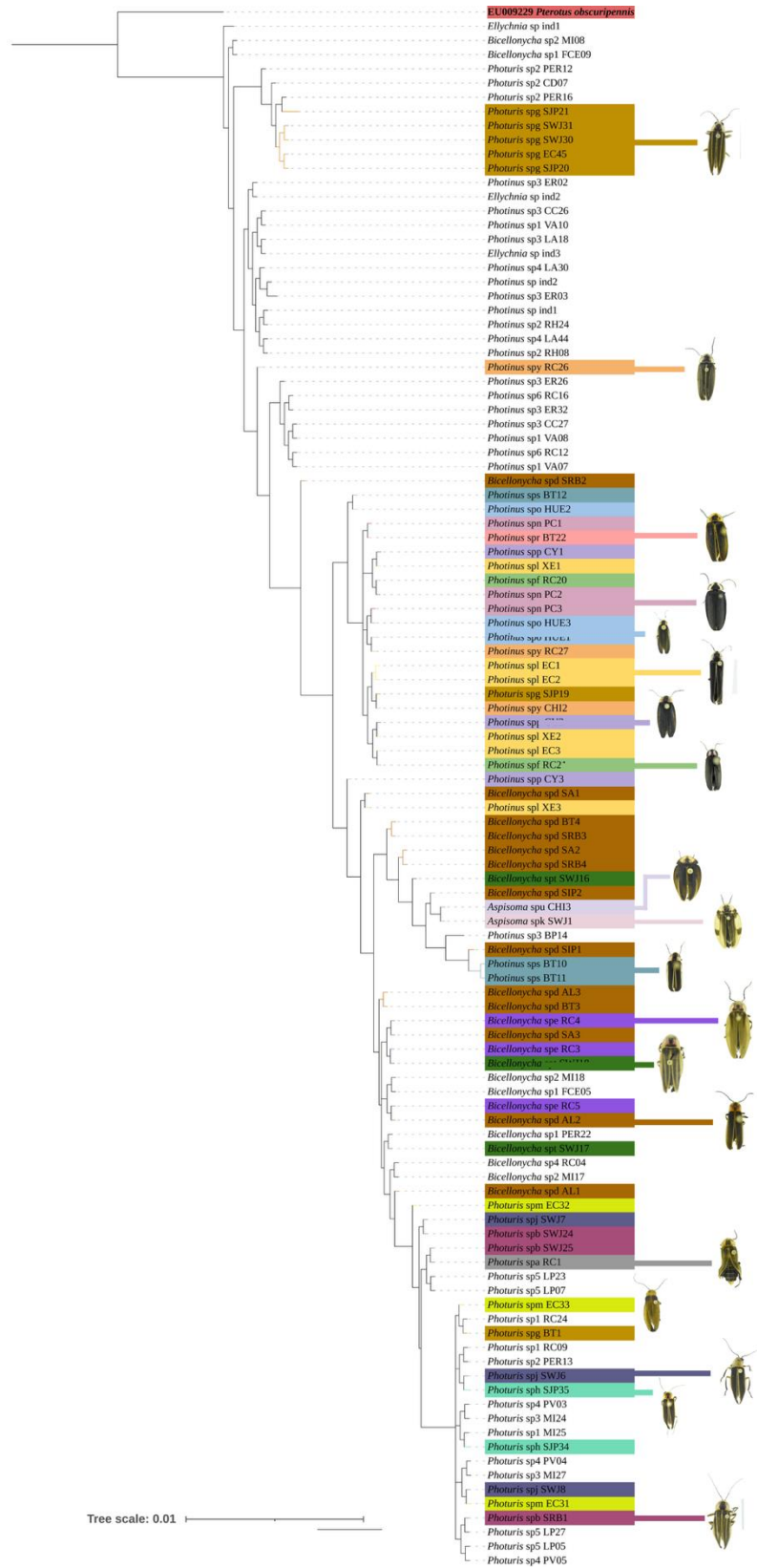


FIGURA 41. Árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones



**FIGURA 42.** Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones



**FIGURA 43. Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones**



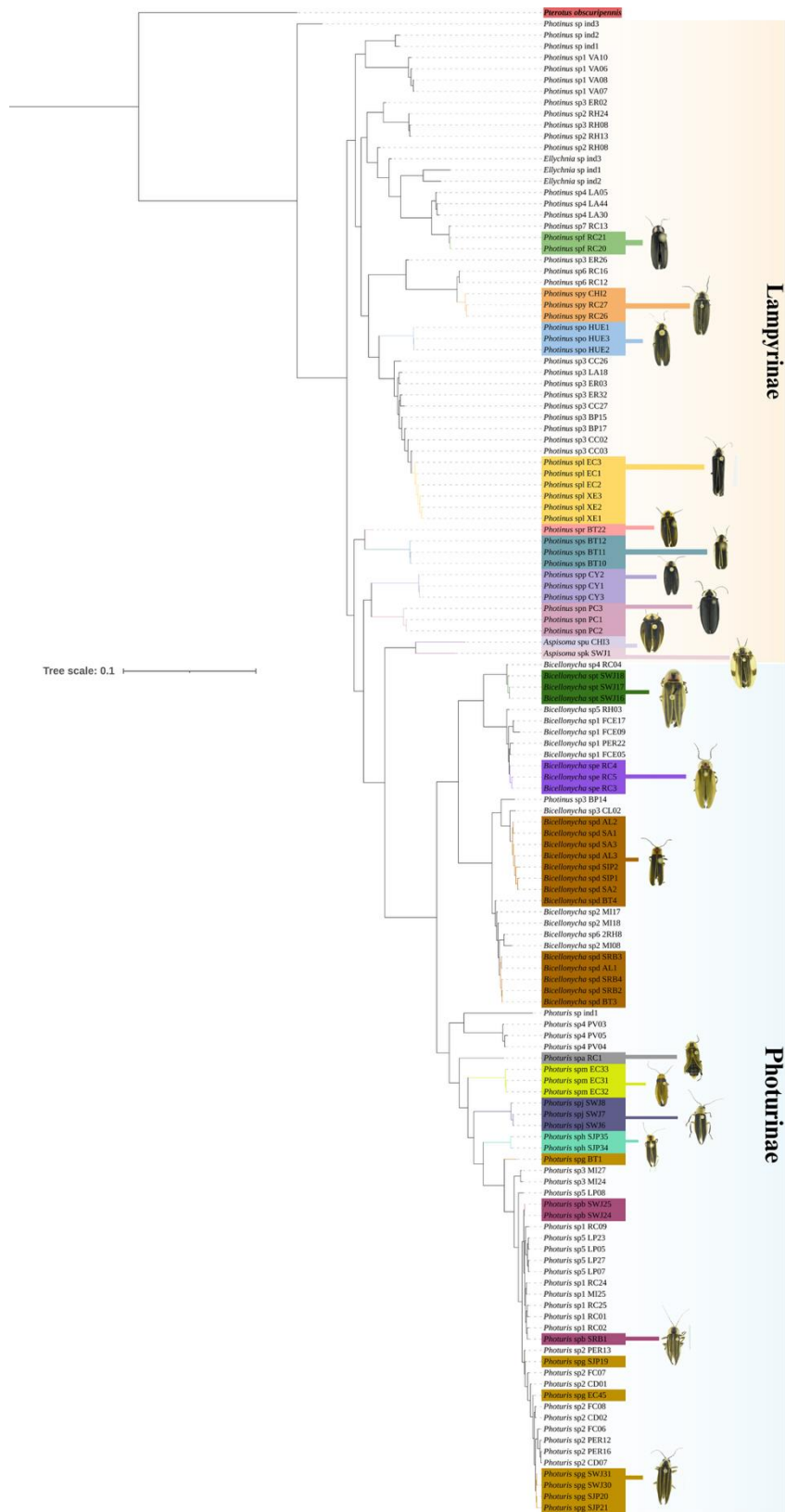


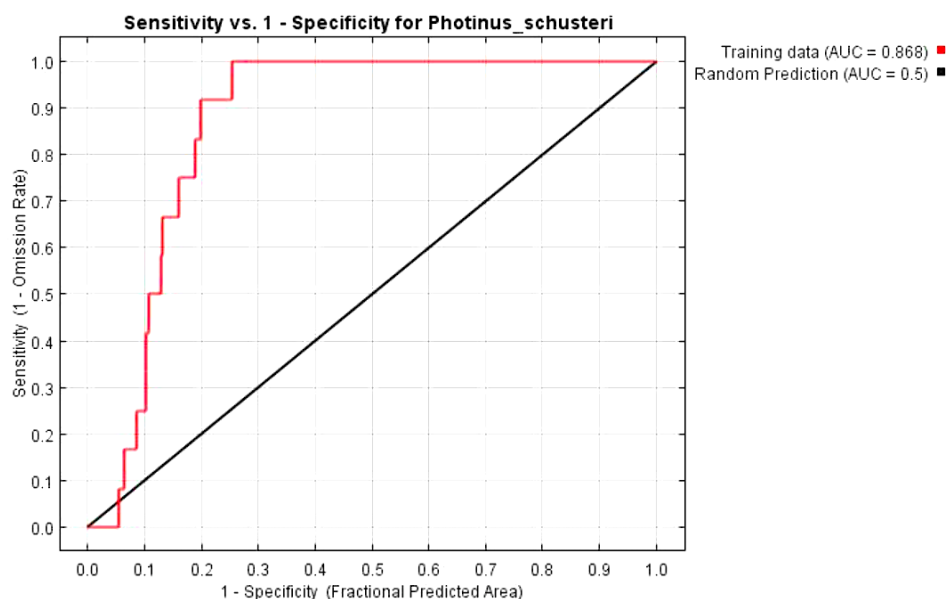
FIGURA 45. Árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones

## D. Modelación de distribución potencial para *Photinus schusteri*

De las 19 variables bioclimáticas, se seleccionaron cuatro principales que constituyen un 79.4 % del porcentaje de contribución (Cuadro 3). Las siguientes variables fueron utilizadas para la generación del modelo final: estacionalidad de la temperatura, cantidad de precipitación del mes más seco, estacionalidad de las precipitaciones y precipitación media mensual del trimestre más seco. Con relación a la validación del modelo final, un valor de AUC más cercano a uno es indicador de un mayor poder predictivo del modelo. En este caso, el valor de AUC es igual a 0.868, indicando un muy buen poder predictivo para el modelo (Figura 44).

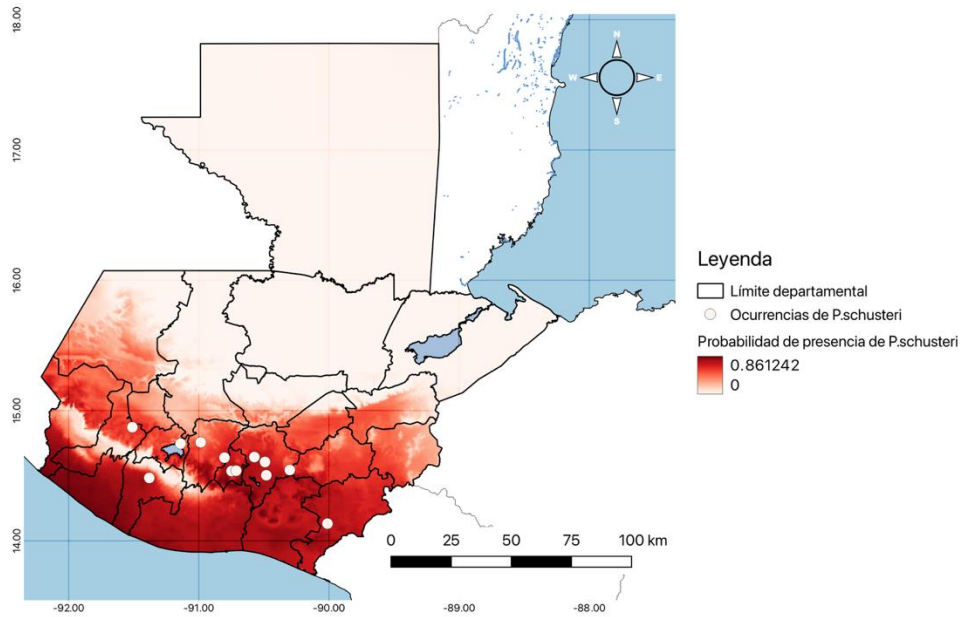
**CUADRO 3. Variables ambientales seleccionadas para la modelación de distribución potencial**

| Código de variable | Variable   | Porcentaje de contribución | Importancia de permutación |
|--------------------|--|----------------------------|----------------------------|
| <b>Bio4</b>        | Estacionalidad de la temperatura                   | 25.7                       | 56.5                       |
| <b>Bio14</b>       | Cantidad de precipitación del mes más seco         | 6                          | 21.4                       |
| <b>Bio15</b>       | Estacionalidad de las precipitaciones              | 28.5                       | 0                          |
| <b>Bio17</b>       | Precipitación media mensual del trimestre más seco | 19.3                       | 0                          |



**FIGURA 46. Curva AUC para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para *Photinus schusteri***

La Figura 45 muestra el modelo de distribución potencial de *Photinus schusteri*. En concordancia con los registros conocidos, hay una alta probabilidad de presencia a lo largo de la meseta central y el occidente de Guatemala. Asimismo, se observa entre media a alta probabilidad de presencia en la costa sur y el oriente del país.



**FIGURA 47.** Mapa de probabilidad de ocurrencia según algoritmo MaxEnt para *Photinus schusteri*, donde una coloración más oscura indica mayor probabilidad de presencia y los círculos blancos representan registros conocidos

## VII. DISCUSIÓN

### A. Análisis morfométrico

Se realizó un análisis morfométrico de 154 luciérnagas de los géneros *Photinus*, *Bicellonycha* y *Photuris* mediante un escalamiento multidimensional no métrico (NMDS) y un análisis de clasificación jerárquica UPGMA. A nivel general, los resultados obtenidos por medio de ambos métodos fueron coherentes. Como se describe posteriormente, ambos diferenciaron a la mayoría de las morfoespecies identificadas acorde a lo esperado

Entre las morfoespecies de *Photinus*, el grupo sp. n y el grupo sp. y fueron los más distintos. Asimismo, ambos análisis generaron agrupamientos claros de sp. l y sp. f. En el caso de sp. l, los especímenes incluyen muestras de una localidad en Guatemala (EC) y una en Quetzaltenango (XE). De igual forma, los especímenes de sp. f incluyen muestras de tres localidades distintas en Alta Verapaz (RC, RR y SWJ). Esto da indicios de la posible pertenencia de cada grupo a una misma especie.

Cabe resaltar el caso de las morfoespecies *Photinus* sp. p y sp. r, las cuales se sobrepone al grupo de sp. l. Tanto sp. p como sp. r presentan características distintivas con respecto a sp. l, por lo que este resultado puede atribuirse a la similitud entre las medidas de estas morfoespecies. Por su parte, se observa un agrupamiento heterogéneo entre las morfoespecies sp. o y sp. s. Esta agrupación refleja variaciones en tamaño debido al dimorfismo sexual, ya que las muestras agrupadas con sp. s (HUE12 y HUE13) son hembras.

Con respecto a las morfoespecies de *Photuris*, los análisis generaron un agrupamiento claro únicamente para sp. m. Las morfoespecies sp. g y sp. b muestran agrupamientos heterogéneos y más dispersos. Es posible notar que hay cierta separación entre los especímenes de SJP/EC y los de SWJ. Nuevamente, esto puede atribuirse a variación por dimorfismo sexual, ya que todas las muestras de SWJ eran hembras. Las muestras de SJP/EC eran machos, con excepción de SJP2 y SJP3, mismas que se agrupan cercanamente a SWJ en el dendrograma UPGMA.

Finalmente, las morfoespecies de *Bicellonycha* parecen generar agrupamientos más claros en el dendrograma UPGMA que en el análisis NMDS. Con excepción de sp. h y sp. d, todas las morfoespecies forman un mismo grupo con sus conoespecíficos en el dendrograma. Sin embargo, el análisis NMDS muestra solapamiento entre el grupo sp. t y los grupos sp. e, sp. j y sp. h. Con relación a la morfoespecie sp. d, se observa que todos los especímenes se agrupan en el dendrograma y en el NMDS, aún siendo originarias de cuatro localidades distintas. En el caso de muestras más dispersas en el análisis NMDS y la muestra SA61 en el dendrograma UPGMA, se trata de especímenes hembra.

Con base en lo planteado, cabe resaltar ciertas limitantes en el análisis morfométrico. En primer lugar, el hecho de incluir únicamente características a partir de mediciones lineales en el análisis causó solapamiento entre morfoespecies de proporciones similares aunque posean otras características distintivas a simple vista. En este sentido, se ha comprobado que los análisis morfométricos geométricos pueden generar resultados más precisos que análisis tradicionales, puesto que toman en cuenta tanto la forma general basada en coordenadas de puntos de referencia anatómicos, como el tamaño del insecto. Esto permite detectar variaciones ligeras entre especies, por lo que demuestra un mejor potencial al trabajar con especies con morfología críptica (Mutanen y Pretorius, 2007; Sumruaypholi y Chaiphongpachara, 2019). Adicionalmente, algo importante a mencionar es que no se incluyeron características del edeago en este análisis, las cuales pueden llegar a presentar información clave para la identificación a nivel de especie, especialmente en ocasiones donde la morfología externa es indistinguible.

En segundo lugar, el dimorfismo sexual fue una fuente importante de variación en los resultados de muchas morfoespecies. En la mayor parte de las morfoespecies, las hembras demostraron un mayor tamaño y proporciones distintas de estructuras específicas, como el tamaño de los ojos y antenas. Se sabe que la magnitud del dimorfismo sexual en luciérnagas es altamente variable entre especies. A pesar de esto, un mayor tamaño y variación en el tamaño de estructuras como los ojos han sido ampliamente reportados (Stanger-Hall *et al.*, 2018; López, 2020; Vergara *et al.*, 2025). Por consiguiente, se resalta la relevancia de recabar información de ambos sexos y, en la medida de lo posible, realizar análisis por separado para minimizar el ruido generado por la variación morfológica.

Aun considerando estas limitaciones, la morfología sigue siendo un factor clave para la delimitación y descripción de especies. Al tener clara la morfología, es posible generar claves de identificación locales que faciliten el trabajo de investigación y la divulgación científica con relación a este grupo. Asimismo, a través de características morfológicas concretas también se pueden hacer inferencias sobre aspectos de la historia natural de las especies, como comportamiento reproductivo y hábitos alimenticios (Sasakawa, 2016).

## **B. Análisis molecular**

Se analizaron las relaciones filogenéticas de las morfoespecies de luciérnagas colectadas en este estudio, a partir de los marcadores moleculares 16S, COI y 18S, así como la concatenación de todas las regiones. Para ello, se generaron árboles filogenéticos bajo los métodos de máxima verosimilitud e inferencia bayesiana. Con excepción de los análisis con el marcador 18S, la topología de los árboles filogenéticos muestran una tendencia similar, especialmente en la clasificación superior de las morfoespecies. Los resultados concuerdan con lo expuesto previamente por Martin *et al.* (2019), donde las subfamilias Photurinae y Lampyrinae se agrupan por separado. En cuanto al posicionamiento interno de las morfoespecies en cada subfamilia, los resultados fueron comparables a lo reportado por

Echeverría (2022), Gutierrez (2022) y Pérez (2022) a partir de secuencias del marcador COI, aunque hubo algunas variaciones.

La subfamilia Lampyrinae mantuvo una topología constante en su mayor parte. Todas las morfoespecies de este estudio generaron clados monofiléticos y moderadamente divergentes del resto de especies. Esto con excepción de sp. f, sp. l y sp. y, las cuales se posicionaron dentro del mismo clado con respecto a *Photinus* sp. 7, sp. 3 y sp. 6, respectivamente, sugiriendo su pertenencia a estas especies. Por otra parte, cabe destacar casos como la muestra RH08 de *Photinus* sp. 3, la cual se encuentra en un mismo clado con *Photinus* sp. 2, indicando una posible identificación errónea de la muestra. De manera similar, en los árboles concatenados se observaron individuos de *Photinus* sp. 3 que se posicionaron externos al agrupamiento de dicha morfoespecies. El posicionamiento de algunas morfoespecies, como sp. o, sp. y y sp. p, varía entre los árboles generados con 16S y aquellos generados con COI. Esto puede asociarse a la inclusión de secuencias de estudios previos únicamente en el análisis con COI, ya que solo se contaba con información previa para este marcador mitocondrial.

En contraste, los resultados de la subfamilia Photurinae presentaron un patrón poco consistente. Aunque con un soporte variable, todos los árboles filogenéticos posicionaron a las morfoespecies *Bicellonycha* sp. h, sp. a y sp. j dentro del clado de *Photuris*. Este posicionamiento resultó de una identificación morfológica errónea del género. Una revisión posterior de los edeagos de estos individuos confirmó su pertenencia a *Photuris*, por lo que se estas morfoespecies fueron renombradas bajo este género. Cabe resaltar el caso específico de *Bicellonycha* sp. j, la cual es morfológicamente idéntica a *Bicellonycha* sp. 4 (RC04), por lo que se esperaba que se agruparan en un mismo clado. Sin embargo, *Bicellonycha* sp. 4 se posicionó en el mismo clado que la morfoespecie sp. t.

Nuevamente, morfoespecies como *Bicellonycha* sp. e y *Bicellonycha* sp. d, se posicionan en clados conjuntos a las secuencias de estudios anteriores. *Bicellonycha* spe se posiciona en un mismo clado con *Bicellonycha* sp. 1, mientras que *Bicellonycha* sp. d parece ser un complejo de especies con morfología críptica. Al observar las secuencias anteriores, las muestras de SRB y BT se posicionan más cercanamente a *Bicellonycha* sp. 2 y sp. 6, mientras que las muestras de SIP y SA se posicionan más cercanamente a *Bicellonycha* sp. 3. Las muestras provenientes de AL se distribuyen an ambos subclados, sugiriendo la presencia de ambas variantes en dicha localidad.

Con relación a las morfoespecies sp. g y sp. b del género *Photuris*, se agrupan de manera distinta al comparar los árboles de 16S con los árboles COI y concatenados. Dentro de los árboles generados con el marcador 16S, las morfoespecies no se separan claramente. Al observar los otros árboles filogenéticos con las secuencias de estudios anteriores, es posible notar que *Photuris* sp. b se agrupa más cercanamente a *Photuris* sp. 1. Por otro lado, *Photuris* sp. g se agrupa más cercanamente a *Photinus* sp. 2, con excepción de BT1 que se posiciona más distante con respecto a los demás grupos. Las especies del género *Photuris* suelen presentar morfologías extremadamente similares (Rosa, 2007). En consideración de esto, la

clasificación basada únicamente en características fenotípicas puede causar confusión con respecto a las relaciones evolutivas entre especies.

Con respecto a los árboles realizados únicamente con 18S, la topología fue incongruente con los resultados descritos anteriormente, puesto que no se formaron clados que reflejaran agrupaciones claras a nivel de subfamilia, género ni morfoespecie, evidenciando una resolución limitada de este marcador. A su vez, los valores de soporte fueron bajos en la mayoría de los nodos. Con relación a esto, se ha reportado que el uso de amplicones cortos (< 500 pb) tienen una señal filogenética baja para generar inferencias de este tipo. La combinación con otros marcadores o la secuenciación completa de esta región ofrecen una mejor resolución y mayor robustez en análisis filogenéticos (Stamatakis *et al.*, 2019).

El uso de múltiples marcadores, al igual que su concatenación, son prácticas comunes en el ámbito de la filogenética para mejorar la resolución y confiabilidad de los resultados generados (Gadagkar *et al.*, 2005). La región mitocondrial se caracteriza por ser altamente conservada y representar únicamente el linaje materno, por lo que suele reflejar mejor divergencias profundas que divergencias más recientes. Inclusive entre ambos marcadores mitocondriales, es importante contemplar las diferencias en la tasa de evolución, la cual es más lenta en el gen 16S que en COI (Dong *et al.*, 2021). Por lo tanto, es posible que divergencias más recientes mostradas por el marcador COI no se vean reflejadas en los análisis con 16S. Por otra parte, la región nuclear presenta una tasa de mutación más lenta que la mitocondrial, por lo que son menos variables a nivel interespecífico (Galtier *et al.*, 2017).

Asimismo, pese a que la filogenia de la región 18S tuvo una resolución limitada por sí sola, la concatenación con el resto de marcadores recuperó en su mayor parte la topología esperada con respecto a las clasificaciones morfológicas. Sin embargo, se observaron valores de soporte moderados, posiblemente reflejando resoluciones conflictivas entre marcadores mitocondriales y el marcador nuclear. En este sentido, estudios basados en todo el genoma, pueden ayudar a superar estas limitaciones y resolver las dudas evolutivas restantes entre las especies de luciérnagas (Rokas *et al.*, 2003).

### **C. Modelación de distribución potencial para *Photinus schusteri***

Se determinó la distribución geográfica potencial de una posible nueva especie de *Photinus* de Guatemala, catalogada como *Photinus schusteri*, mediante el uso de modelos de distribución de especies con el algoritmo MaxEnt, colectas de este estudio y especímenes de la Colección de Artrópodos de la Universidad del Valle de Guatemala (UVG). A partir de esto, se estableció que la mayor probabilidad de presencia se enfoca en la meseta central y el occidente, en consenso con las ocurrencias registradas. Adicionalmente, se evidenció un grado considerable de probabilidad de presencia en partes de la costa sur y oriente de Guatemala.

Contrario a lo hipotetizado, el modelo sugiere que la distribución de *Photinus schusteri* no se limita a la ecorregión del bosque pino-encino. Adicionalmente, también sugiere una fuerte probabilidad de presencia en las ecorregiones del bosque seco de Centroamérica, el manglar de Tehuantepec-El Manchon y el manglar del norte seco de las costas del Pacífico (Dinerstein *et al.*, 1995). Es posible notar también que las formaciones montañosas representan una barrera para la distribución de la especie. Por ejemplo, el modelo estima una región de ausencia en la parte sur del sistema de la Sierra Madre. Del mismo modo, la ausencia de la especie en la parte norte del país coincide con la falla Chixoy-Polochic, donde se encuentra el sistema de los Cuchumatanes (Campbell, 1982).

En este sentido, las luciérnagas del género *Photinus* suelen tener una distribución sumamente amplia y se adaptan a diversos ecosistemas. Concretamente, se sabe a partir del análisis filogenético que *Photinus schusteri* se encuentra cercanamente emparentada a *Photinus pyralis* (Pérez, 2023). Esta última se caracteriza por tener una distribución tanto en ecosistemas tropicales como templados desde Canadá hasta Venezuela y la presencia de distintos caracteres polimórficos entre poblaciones (Catalán *et al.*, 2022). Por lo tanto, este podría ser también el caso para *Photinus schusteri*, permitiéndole adaptarse a los distintos ecosistemas en su rango de distribución.

De las 19 variables bioclimáticas utilizadas, cuatro fueron seleccionadas al evidenciar un porcentaje mayor de contribución. La variable que presenta una mayor ganancia para el modelo por sí sola fue la cantidad de precipitación del mes más seco. Paralelamente, la variable que reduce más la ganancia al ser omitida es la estacionalidad de la temperatura. Variables como la estacionalidad de temperatura y la estacionalidad de las precipitaciones presentaron porcentajes de contribución mayores.

Es decir, los resultados sugieren que la presencia de esta especie depende en mayor medida de la variabilidad en temperatura y precipitación a lo largo del año. Este mismo patrón fue observado por Gil *et al.* (2023) en la luciérnaga *Photinus signaticollis*, donde la estacionalidad de temperatura se identificó como el principal factor limitante a lo largo de la distribución de la especie. La precipitación en los meses más secos también fue una variable relevante para *P. signaticollis* acorde al modelo, pero al considerar el ciclo de vida de la especie, se infirió que influye principalmente en su estado larvario.

Para mejorar la precisión del modelo, pueden incluirse otras variables abióticas como altitud, tipo de vegetación y presencia de cuerpos de agua. Otra variable que ha cobrado relevancia es la infraestructura antrópica. Estudios de este tipo realizados en áreas urbanas han demostrado cómo la presencia de superficies artificiales y contaminación lumínica afectan la distribución de luciérnagas (Pérez-Hernández *et al.*, 2023). Asimismo, es necesario considerar que variables bióticas como la depredación y la disponibilidad de recursos, también afecta la distribución de las especies.

Con base en el caso de *Photinus schusteri*, se evidencia que este tipo de modelaciones muestran una gran capacidad con potencial para diversas aplicaciones. Especialmente con relación a especies poco conocidas, el modelo de distribución permite identificar posibles sitios de colecta, facilitando el enfoque de esfuerzos de investigación en campo y la

optimización de recursos. De manera similar, la identificación de variables climáticas importantes puede contribuir en la generación de proyecciones, así como ofrecer información clave para evaluar su estado de amenaza y desarrollar estrategias de conservación pertinentes.

## D. Consideraciones finales

En este estudio, tanto los análisis morfológicos como moleculares presentaron sus propias limitaciones. Al complementar los resultados de ambos, fue posible contrarrestar los efectos de dichas limitaciones e identificar patrones en la clasificación de las morfoespecies. La combinación de múltiples líneas de evidencia para la clasificación taxonómica se ha convertido en una herramienta fundamental para progresar en la comprensión de la biodiversidad (Giraldo, 2015). Esto cobra especial relevancia en grupos altamente diversos pero poco estudiados, como las luciérnagas en Guatemala. Factores como el dimorfismo sexual, la morfología críptica y la falta de información genética de especímenes locales presentan un reto para la identificación de las especies. Sobre este fundamento, darle seguimiento a los esfuerzos de investigación ya realizados y la adición de otras fuentes de información, como el comportamiento y el contexto geográfico de las especies estudiadas, representan un eslabón invaluable para mejorar la comprensión de este grupo y su diversidad en el país.

### **Cuadro 4. Desafíos de la identificación morfológica de luciérnagas en Guatemala**

La identificación taxonómica de insectos basada únicamente en morfología presenta diversos desafíos en Guatemala debido a la falta de información específica para el país y la región mesoamericana en general. En el caso de las luciérnagas, las claves e ilustraciones disponibles son incompletas o están desactualizadas, complicando la comparación con especímenes colectados (Luk *et al.*, 2011). Adicionalmente, la similitud morfológica en cuanto a tamaño, forma y patrones externos entre especies e incluso entre géneros, como es el caso de *Bicellonycha* y *Photuris*, representa un obstáculo para su distinción. Por lo tanto, la única característica evidente para la identificación morfológica es la estructura genital en machos. Esto implica una mayor dificultad al momento de identificar especímenes dañados durante colectas y en colecciones o especímenes hembra que no siempre presentan las mismas características diagnósticas que los machos (Sumruaypholi y Chaiphongpachara, 2019). A esto se añade la variación intraespecífica, variación geográfica y la presencia de especies crípticas en el país, donde solamente expertos especializados en el grupo pueden ofrecer una identificación taxonómica precisa.

## VIII. CONCLUSIONES

1. Se identificó un total de 19 morfoespecies de luciérnagas, incluyendo ocho *Photinus*, seis *Bicellonycha*, tres *Photuris* y dos *Aspisoma*.
2. El análisis morfométrico permitió distinguir entre la mayor parte de morfoespecies identificadas, aunque factores como la variación de tamaño en hembras y proporciones similares en ciertas morfoespecies generaron agrupaciones entremezcladas.
3. El análisis filogenético con los marcadores seleccionados tuvo la resolución suficiente para diferenciar especies y superar las limitantes observadas en identificaciones basadas únicamente en morfología.
4. Los análisis filogenéticos con 16S, COI y la concatenación de todos los marcadores mostraron topologías similares, con la mayor variación detectada dentro de la subfamilia Photurinae.
5. El marcador 18S mostró una resolución filogenética limitada por sí solo, mas contribuyó a la integridad general del análisis en conjunto con los marcadores mitocondriales.
6. Las morfoespecies *Photuris* sp. f, *Photinus* sp. l, *Photinus* sp. y, *Bicellonycha* sp. e, *Bicellonycha* sp. d y *Photuris* sp. b se posicionaron cercanamente con especies de luciérnagas determinadas en estudios filogenéticos previos, sugiriendo que se trata de las mismas especies.
7. Se obtuvieron resultados concordantes en algunas de las morfoespecies identificadas en los análisis filogenéticos y morfológicos, mas se observaron excepciones en las morfoespecies de *Bicellonycha* sp. h, *Bicellonycha* sp. j y *Bicellonycha* sp. a, las cuales se posicionaron como *Photuris* a partir de los datos genéticos.
8. La combinación de los análisis morfológicos y filogenéticos reveló indicios de especies potencialmente no descritas en el país.
9. Se determinó, acorde al modelo de distribución potencial que *Photinus schusteri* con el algoritmo MaxEnt, que hay mayor probabilidad de presencia de la especie en la meseta central, occidente, costa sur y oriente.

10. Las variables con un mayor porcentaje de contribución en el modelo de distribución potencial de *Photinus schusteri* fueron la estacionalidad de temperatura y la estacionalidad de las precipitaciones.

## IX. RECOMENDACIONES

1. Dar seguimiento a los esfuerzos de muestreo de luciérnagas, especialmente en regiones poco estudiadas del país.
2. Implementar protocolos de morfometría geométrica que permitan distinguir mejor entre especies con tamaños similares o con morfología críptica.
3. Hacer análisis tanto con machos como con hembras a manera de recabar más información sobre el dimorfismo sexual en las luciérnagas de Guatemala.
4. Desarrollar análisis con otros marcadores o a nivel de genoma para resolver las dudas evolutivas restantes y mejorar la robustez de los resultados generados.
5. Acceder a los especímenes y secuencias originales de tesis previas con el fin de evaluar posibles fuentes de error que puedan explicar posicionamientos filogenéticos inesperados.
6. Realizar estudios más exhaustivos para validar los indicios de especies potencialmente no descritas en el país.
7. Complementar el modelo con registros en localidades fuera de la región de la meseta central, a manera de mejorar el ajuste y poder predictivo del modelo de distribución potencial.
8. Dar seguimiento a las predicciones resultantes del modelo, a través de expediciones de campo para corroborar los sitios de presencia probables para *Photinus schusteri* en costa sur y oriente.
9. Profundizar en el estudio de la biogeografía y comportamiento para complementar las clasificaciones taxonómicas de las luciérnagas en Guatemala.

## X. LITERATURA CITADA

- Araque, J. (2023). Distribución potencial de *Tropidacris cristata dux* (Drury, 1773) y una de sus plantas hospederas, *Quassia amara* (L.). *Revista Nicaraguense de Entomología*, 318, pp. 1-29. <https://doi.org/10.5281/zenodo.10278396>
- Armas, A. (2009). Riqueza y distribución potencial de las abejas euglosinas (Apinae:Euglossini) en Guatemala [Tesis de pregrado]. Universidad de San Carlos de Guatemala. [http://biblioteca.usac.edu.gt/tesis/06/06\\_2743.pdf](http://biblioteca.usac.edu.gt/tesis/06/06_2743.pdf)
- Arrivillaga-Cano, E. *et al.* (2023). Description of the bioluminescent emission spectrum of *Bicellonycha amoena* Gorham, 1880 (Coleoptera: Lampyridae) in Guatemala. *Insecta Mundi*, 0997, pp. 1-9. <https://digitalcommons.unl.edu/insectamundi/1491/>
- Badr C. y Tannous B. (2011). Bioluminescence imaging: progress and applications. *Trends in Biotechnology*, 29(12), pp. 624-33. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2011.06.010>.
- Baldwin, B. *et al.* (1996). A diagnostic molecular marker for zebra mussels (*Dreissena polymorpha*) and potentially co- occurring bivalves: mitochondrial COI. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 5(1), pp. 9–14. <https://europepmc.org/article/med/8869514>
- Bocakova, M. (2007). Molecular phylogenetics of Elateriformia (Coleoptera): evolution of bioluminescence and neoteny. *Cladistics*, 23(5), pp. 477-496. <https://doi.org/10.1111/j.1096-0031.2007.00164.x>
- Bouchard, P. *et al.* (2017). *Biodiversity of Coleoptera*. En *Insect Biodiversity: Science and Society* de Robert G. Foottit y Peter H. Adler. John Wiley & Sons, pp. 337-417. <https://doi.org/10.1002/9781118945568.ch11>
- Campbell, J. (1982). *The Biogeography of the Cloud Forest Herpetofauna of Middle America, with Special Reference to the Sierra de las Minas of Guatemala*. University of Kansas. [http://kuscholarworks.ku.edu/bitstream/handle/1808/7815/Campbell\\_1982.pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://kuscholarworks.ku.edu/bitstream/handle/1808/7815/Campbell_1982.pdf?sequence=1&isAllowed=y).
- Catalán, A. *et al.* (in rev.). Filling the gap in the Neotropics: new firefly species provide insights into Central American biodiversity. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2025.02.20.639311>
- Catalan, A. *et al.* (2022). Inferring the demographic history of the North American firefly *Photinus pyralis*. *Journal of Evolutionary Biology*, 35, pp.1488–1499. <https://doi.org/10.1111/jeb.14094>
- Dong, Z. *et al.* (2021). Mitochondrial DNA as a Molecular Marker in Insect Ecology: Current Status and Future Prospects. *Annals of the Entomological Society of America*, 114, pp. 470 - 476. <https://doi.org/10.1093/aesa/saab020>.

- Dinerstein, E. *et al.* (1995). *A Conservation Assessment of the Terrestrial Ecoregions of Latin America and the Caribbean*. Washington, D.C.. World Bank and World Wildlife Fund.
- Echeverría, A. (2022). Análisis filogenético y biogeografía de luciérnagas (Coleoptera: Lampyridae) en Guatemala [Tesis de pregrado]. Universidad del Valle de Guatemala. <https://repositorio.uvg.edu.gt/handle/123456789/4771>
- Escobedo, N. (2019). Distribución potencial de las abejas nativas de Guatemala ante posibles escenarios del cambio climático, fase II: *Bombus* (Apidae: Bombini). Dirección General de Investigación de la Universidad de San Carlos de Guatemala. <https://digi.usac.edu.gt/bvirtual/informes/puirna/INF-2018-17.pdf>
- Fallon, C. *et al.* (2019). *Conserving the Jewels of the Night: Guidelines for Protecting Fireflies in the United States and Canada*. Portland, OR: The Xerces Society for Invertebrate Conservation. [https://xerces.org/sites/default/files/publications/19-049\\_01\\_Firefly%20guidelines\\_web\\_1.pdf](https://xerces.org/sites/default/files/publications/19-049_01_Firefly%20guidelines_web_1.pdf)
- Faust, L. y Faust, H. (2014). The Occurrence and Behaviors of North American Fireflies (Coleoptera: Lampyridae) on Milkweed, *Asclepias syriaca* L. *The Coleopterists Bulletin*, 68(2), pp. 283 - 291. <https://doi.org/10.1649/0010-065X-68.2.283>.
- Ferreira, V. *et al.* (2020). Multilocus Phylogeny Support the Nonbioluminescent Firefly *Chespirito* as a New Subfamily in the Lampyridae (Coleoptera: Elateroidea). *Insect Systematics and Diversity*, 4(6). <https://doi.org/10.1093/isd/ixaa014>
- Fick, S. y Hijmans, R. (2017). *WorldClim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas*. *International Journal of Climatology*, 37(12), pp. 4302–4315. <https://doi.org/10.1002/joc.5086>
- Gadagkar *et al.* (2005). Inferring species phylogenies from multiple genes: concatenated sequence tree versus consensus gene tree. *J Exp Zool B Mol Dev Evol.*, 304(1), pp. 64-74. <https://doi.org/10.1002/jez.b.21026>
- Galtier, N. *et al.* (2017). Large Variation in the Ratio of Mitochondrial to Nuclear Mutation Rate across Animals: Implications for Genetic Diversity and the Use of Mitochondrial DNA as a Molecular Marker. *Molecular Biology and Evolution*, 34, pp. 2762–2772. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx197>.
- Gil, D. *et al.* (2023). Across the firefly-verse: comparison of niche suitability of an exotic firefly in its native and colonized range. *Journal of Insect Conservation*, 28(1), pp. 43–56. <https://doi.org/10.1007/s10841-023-00522-7>
- Giraldo, C. (2015). *La taxonomía integrativa en la resolución de problemas taxonómicos complejos en insectos: un caso de estudio en mariposas diurnas neotropicales*. Memorias y Resúmenes 42vo Congreso Colombiano de Entomología, 156.
- Gorham, H. (1881). *Biologia Centrali-Americana: Insecta Coleoptera*. Vol. III. Part 2. Malacodermata (p. 408).

- Gutiérrez, A. (2022). Análisis filogenético de luciérnagas de Guatemala (Coleoptera:Lampyridae). [Tesis de pregrado]. Universidad del Valle de Guatemala. <https://repositorio.uvg.edu.gt/handle/123456789/4604>
- Huelsenbeck, J. y Ronquist, F. (2001). MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics*, 17, pp. 754-755. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/17.8.754>
- Hutchens, M. y Luker, G. (2007). Applications of bioluminescence imaging to the study of infectious diseases. *Cellular Microbiology*, 9(10), pp. 2315-2322. <https://doi.org/10.1111/j.1462-5822.2007.00995.x>.
- Kalyaanamoorthy, S. *et al.* (2017). ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nat Methods*, 14, pp. 587–589. <https://doi.org/10.1038/nmeth.4285>
- Kundrata, R. *et al.* (2014). The comprehensive phylogeny of the superfamily Elateroidea (Coleoptera: Elateriformia). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 76, pp. 162-171. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2014.03.012>
- Letunic, I. y Bork, P. (2006). Interactive Tree Of Life (iTOL): an online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic Acids Research*, 49(W1), pp. W293–W296. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab301>
- Lewis, S. *et al.* 2021. Firefly tourism: Advancing a global phenomenon toward a brighter future. *Conservation Science and Practice*, 3(5). <https://doi.org/10.1111/csp2.391>
- Lewis, S. *et al.* (2020). A Global Perspective on Firefly Extinction Threats. *BioScience*, 70(2), pp. 157-167. <https://doi.org/10.1093/biosci/biz157>
- Lewis, S. y South A. (2012). *Chapter 2 - The Evolution of Animal Nuptial Gifts*. En *Advances in the Study of Behavior* de Brockmann H. *et al.*. Academic Press.
- López, T. *et al.* (2020). The size of signal detection and emission organs in a synchronous firefly: sexual dimorphism, allometry and assortative mating. *PeerJ*, 8. <https://doi.org/10.7717/peerj.10127>
- Luk, S. *et al.* (2011). The fireflies (Coleoptera; Lampyridae) of Ontario. *Canadian Journal of Arthropod Identification*, 16. <https://doi.org/10.3752/cjai.2011.16>
- Martin, G. *et al.* (2019). Higher-Level Phylogeny and Reclassification of Lampyridae (Coleoptera: Elateroidea). *Insect Systematics and Diversity*, 3(6), p. 11. <https://doi.org/10.1093/isd/ixz024>
- Minh, B. *et al.* (2020). IQ-TREE 2: New Models and Efficient Methods for Phylogenetic Inference in the Genomic Era. *Molecular Biology and Evolution*, 37(5), pp. 1530–1534. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>
- Mutanen, M. y Pretorius, E. (2007). Subjective visual evaluation vs. traditional and geometric morphometrics in species delimitation: a comparison of moth genitalia. *Systematic Entomology*, 32. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113.2006.00372.x>

- Onah, I. y Aleke, J. (2023). Morphological and Molecular identification of firefly (Abscondita sp.) from Nsukka Nigeria. *Dutse Journal of Pure and Applied Sciences (DUJOPAS)*, 9(2). <https://doi.org/10.4314/dujopas.v9i2a.17>
- Pérez, C. (2022). Identificación taxonómica y genética, basada en análisis morfométricos y el marcador mitocondrial COI, de luciérnagas del género *Photinus* (Lampyridae) en Guatemala [Tesis de pregrado]. Universidad del Valle de Guatemala. <https://repositorio.uvg.edu.gt/xmlui/handle/123456789/4325>
- Pérez-Hernández, C. *et al.* (2023). Living on the edge: urban fireflies (Coleoptera, Lampyridae) in Morelia, Michoacán, Mexico. *PeerJ*, 11, e16622. <https://doi.org/peerj.16622>
- Pérez-Hernández, C. *et al.* 2022. Updated checklist of the fireflies (Coleoptera: Lampyridae) of Mexico. *Zootaxa*, 5092(3). <https://doi.org/10.7717/10.11646/zootaxa.5092.3.3>
- Phillips, S. *et al.* (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190, pp. 231-259. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026>
- Recinos, A. (2022). *Popol Vuh: las antiguas historias del Quiché*. Fondo de cultura económica.
- Rokas, A. *et al.* (2003). Genome-scale approaches to resolving incongruence in molecular phylogenies. *Nature*, 425, pp. 798-804. <https://doi.org/10.1038/nature02053>.
- Rosa, S. (2007). Description of *Photuris fulvipes* (Blanchard) immatures (Coleoptera, Lampyridae, Photurinae) and bionomic aspects under laboratory conditions. *Revista Brasileira de Entomologia*, 51(2), pp. 125–130. <https://doi.org/10.1590/s0085-56262007000200001>
- Sasakawa, K. (2016). Utility of geometric morphometrics for inferring feeding habit from mouthpart morphology in insects: tests with larval Carabidae (Insecta: Coleoptera). *Biological Journal of The Linnean Society*, 118, pp. 394-409. DOI:10.1111/BIJ.12727.
- Schneider, C. *et al.* (2012). NIH Image to ImageJ: 25 years of image analysis. *Nat Methods*, 9, pp. 671–675. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2089>
- Schuster, J. (1997). Seasonal diversity of fireflies (Coleoptera: Lampyridae) in a montane area of Guatemala. *Proceedings of the International Symposium on Biodiversity and Systematics in Tropical Ecosystems*, pp. 281–284.
- Silveira, L. *et al.* (2020). Natural history of the fireflies of the Serra dos Órgãos mountain range (Brazil: Rio de Janeiro)—one of the ‘hottest’ firefly spots on Earth, with a key to genera (Coleoptera: Lampyridae). *Journal of Natural History*, 54(5–6), pp. 275–308. <https://doi.org/10.1080/00222933.2020.1749323>
- Šlenker, M. *et al.* (2022). MorphoTools2: an R package for multivariate morphometric analysis. *Bioinformatics*, 38,(10), pp. 2954–2955. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btac173>

- Stamatakis, A. *et al.* (2019). Long-read metabarcoding of the eukaryotic rDNA operon to phylogenetically and taxonomically resolve environmental diversity. *Molecular Ecology Resources*, 20, pp. 429 - 443. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13117>.
- Stanger-Hall, K. *et al.* (2018). The evolution of sexual signal modes and associated sensor morphology in fireflies (Lampyridae, Coleoptera). *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 285. <https://doi.org/10.1098/rspb.2017.2384>
- Stanger-Hall, K. *et al.* (2007). Phylogeny of North American fireflies (Coleoptera: Lampyridae): Implications for the evolution of light signals. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 45(1), pp. 33–49. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2007.05.013>
- Sumruaypholi, S. y Chaiphongpachara, T. (2019). Geometric morphometrics as a tool for three species identification of the firefly (Coleoptera: Lampyridae) in Thailand. *Biodiversitas*, 20(8), pp. 2388-2395. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200837>
- Sutherland, L. *et al.* (2021). Validating species distribution models to illuminate coastal fireflies in the South Pacific (Coleoptera: Lampyridae). *Sci Rep*, 11, p. 17397. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-96534-x>
- Suzuki, H. (1997). Molecular phylogenetic studies of Japanese fireflies and their mating systems (Coleoptera: Cantharoidea). *TMU Bulletin of Natural History*, 3(1), pp.1-53.
- Syed, A. y Anderson, J. (2021). Applications of bioluminescence in biotechnology and beyond. *Chemical Society Reviews*, 50(9), pp. 5668–5705. <https://doi.org/10.1039/d0cs01492c>
- IUCN (2024). *The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2023-1*. <https://www.iucnredlist.org>
- Vergara, A. *et al.* (2025). Interspecific Courtship Between Two Endemic Fireflies. *Diversity*, 17(3), p. 188. <https://doi.org/10.3390/d17030188>.
- Whiting, M. *et al.* (1997). The Strepsiptera Problem: Phylogeny of the Holometabolous Insect Orders Inferred from 18S and 28S ribosomal DNA Sequences and Morphology. *Syst. Biol*, 46(1), pp. 1-68. <https://doi.org/10.1093/sysbio/46.1.1>.
- Zaragoza, S. *et al.* (2021). Nuevas especies de luciérnagas (Coleoptera: Lampyridae) de México. *Dugesiana*, 28(2) <https://doi.org/10.32870/dugesiana.v28i2.7161>
- Zaragoza, S. *et al.* (2020). Luciérnagas del centro de México (Coleoptera: Lampyridae): descripción de 37 especies nuevas. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 91(e913104). <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2020.91.3104>
- Zaragoza, S. *et al.* (2017). *Familia Lampyridae*. En *Fundamentos de Entomología Forestal de Cibrián D*. Universidad Autónoma Chapingo, México.

## XI. ANEXOS

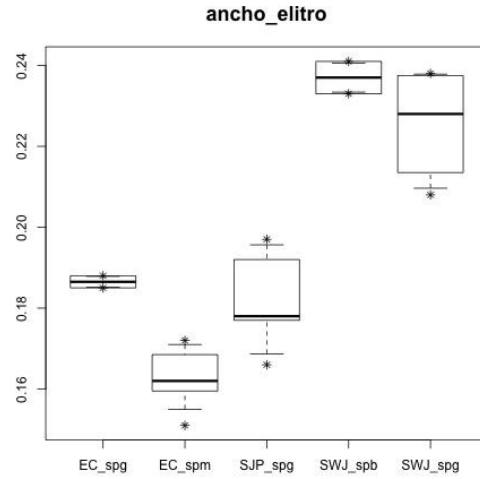
**CUADRO 5. Sitios de colecta para este estudio**

| <b>Abreviatura</b> | <b>Localidad</b>                    | <b>Departamento</b> | <b>Latitud</b> | <b>Longitud</b> |
|--------------------|-------------------------------------|---------------------|----------------|-----------------|
| <b>AL</b>          | Los Albores                         | El Progreso         | 15.051223      | -89.951026      |
| <b>BT</b>          | La Libertad                         | Petén               | 16.801802      | -90.814961      |
| <b>CHI</b>         | Finca Chipoc                        | Alta Verapaz        | 15.478889      | -90.391389      |
| <b>CY</b>          | Parque Ecológico y Deportivo Cayalá | Guatemala           | 14.618199      | -90.492028      |
| <b>EC</b>          | El Colorado                         | Guatemala           | 14.543056      | -90.301389      |
| <b>HUE</b>         | Huehuetenango                       | Huehuetenango       | 15.352500      | -91.421667      |
| <b>PC</b>          | Finca Pamac II                      | Alta Verapaz        | 15.409870      | -90.605200      |
| <b>RC</b>          | Finca Rubel Chaim                   | Alta Verapaz        | 15.374722      | -90.356389      |
| <b>SA</b>          | Sanarate                            | El Progreso         | 14.806111      | -90.204722      |
| <b>SIP</b>         | Sipacate                            | Escuintla           | 13.926415      | -91.082783      |
| <b>SRB</b>         | Santa Rosa Balandra                 | Izabal              | 15.367613      | -89.241441      |
| <b>SJP</b>         | San José Pinula                     | Guatemala           | 14.543611      | -90.403333      |
| <b>SWJ</b>         | Finca Sac Wach Ja                   | Alta Verapaz        | 15.428268      | -90.609268      |
| <b>XE</b>          | Olintepeque                         | Quetzaltenango      | 14.871165      | -91.51102       |

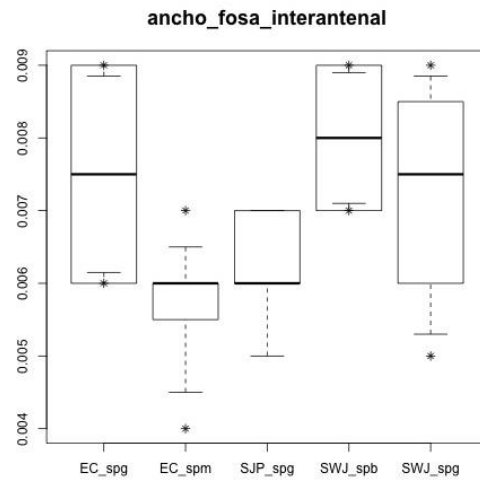
**CUADRO 6. Sitios previos de colecta**

| <b>Abreviatura</b> | <b>Localidad</b>             | <b>Departamento</b> | <b>Latitud</b> | <b>Longitud</b> |
|--------------------|------------------------------|---------------------|----------------|-----------------|
| <b>VA</b>          | Faldas del Volcán de Agua    | Escuintla           | 14.414657      | -90.748566      |
| <b>LA</b>          | Lomas de Atitlán             | Sololá              | 14.7444444     | -91.1386111     |
| <b>RH/2RH</b>      | Reserva del Heloderma        | Zacapa              | 14.8738028     | -89.7569861     |
| <b>CC</b>          | Casa Claudia                 | Guatemala           | 14.642556      | -90.573236      |
| <b>BP</b>          | Bosque Palencia              | Guatemala           | 14.6660431     | -90.3633149     |
| <b>ER/PER</b>      | El Roconal                   | Guatemala           | 14.6360477     | -90.6159431     |
| <b>RC</b>          | Finca Rubel Chaim            | Alta Verapaz        | 15.371131      | -90.349016      |
| <b>FC/FCE/FCJ</b>  | Finca Colombia               | Sacatepéquez        | 14.534969      | -90.748608      |
| <b>CL</b>          | Costa Linda                  | Escuintla           | 14.331585      | -91.028228      |
| <b>MI</b>          | Morales                      | Izabal              | 15.482405      | -88.686491      |
| <b>CD</b>          | Casa Dr. Schuster            | Guatemala           | 14.556649      | -90.463117      |
| <b>LP/MLP</b>      | Finca Las Pozas              | Chiquimula          | 14.604685      | -89.163631      |
| <b>PV</b>          | Concesión Forestal Carmelita | Petén               | 17.61639       | -90.12384       |

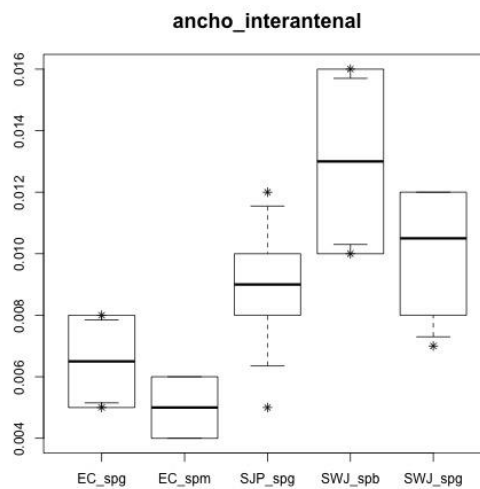
| ID    | Population | Taxon   | longitud_total | ancho_cabeza | largo_cabeza | ancho_pronoto | largo_pronoto | ancho_interantenal | longitud_antena | ancho_fosa_interantenal | ancho_interocular | ancho_opp | largo_opp | largo_altro | ancho_altro | borde_altro | franja_altro | esternito4 | esternito5 | esternito6 | esternito7 |
|-------|------------|---------|----------------|--------------|--------------|---------------|---------------|--------------------|-----------------|-------------------------|-------------------|-----------|-----------|-------------|-------------|-------------|--------------|------------|------------|------------|------------|
| CV18  | CY         | CY_spg  | 0.99           | 0.173        | 0.037        | 0.304         | 0.188         | 0.023              | 0.488           | 0.008                   | 0.061             | 0.03      | 0.077     | 0.812       | 0.159       | 0           | 0            | 0.061      | 0.08       | 0.078      | 0.025      |
| CV19  | CY         | CY_spg  | 0.968          | 0.197        | 0.074        | 0.308         | 0.189         | 0.018              | 0.641           | 0.005                   | 0.065             | 0.053     | 0.086     | 0.799       | 0.193       | 0           | 0            | 0.077      | 0.094      | 0.094      | 0.037      |
| CV20  | CY         | CY_spg  | 0.942          | 0.151        | 0.039        | 0.298         | 0.189         | 0.01               | 0.495           | 0.006                   | 0.079             | 0.056     | 0.083     | 0.759       | 0.171       | 0           | 0            | 0.044      | 0.052      | 0.065      | 0.033      |
| CV21  | CY         | CY_spg  | 0.987          | 0.156        | 0.066        | 0.318         | 0.192         | 0.012              | 0.562           | 0.005                   | 0.07              | 0.088     | 0.096     | 0.824       | 0.195       | 0           | 0            | 0.054      | 0.087      | 0.083      | 0.026      |
| CV22  | CY         | CY_spg  | 0.986          | 0.147        | 0.074        | 0.291         | 0.196         | 0.013              | 0.479           | 0.005                   | 0.07              | 0.077     | 0.098     | 0.819       | 0.196       | 0           | 0            | 0.058      | 0.098      | 0.076      | 0.028      |
| CV23  | CY         | CY_spg  | 0.994          | 0.149        | 0.04         | 0.312         | 0.197         | 0.011              | 0.493           | 0.005                   | 0.051             | 0.052     | 0.088     | 0.824       | 0.18        | 0           | 0            | 0.061      | 0.086      | 0.083      | 0.025      |
| CV24  | CY         | CY_spg  | 0.977          | 0.148        | 0.043        | 0.313         | 0.198         | 0.011              | 0.489           | 0.004                   | 0.053             | 0.061     | 0.087     | 0.831       | 0.198       | 0           | 0            | 0.054      | 0.072      | 0.069      | 0.029      |
| CV25  | CY         | CY_spg  | 0.972          | 0.145        | 0.062        | 0.31          | 0.208         | 0.01               | 0.475           | 0.005                   | 0.072             | 0.066     | 0.085     | 0.795       | 0.172       | 0           | 0            | 0.054      | 0.075      | 0.07       | 0.021      |
| CV27  | CY         | CY_spg  | 0.997          | 0.138        | 0.068        | 0.327         | 0.195         | 0.017              | 0.455           | 0.006                   | 0.068             | 0.052     | 0.068     | 0.833       | 0.199       | 0           | 0            | 0.067      | 0.071      | 0.055      | 0.076      |
| CV28  | CY         | CY_spg  | 1.136          | 0.146        | 0.06         | 0.386         | 0.249         | 0.009              | 0.686           | 0.006                   | 0.086             | 0.05      | 0.074     | 0.935       | 0.231       | 0           | 0            | 0.064      | 0.1        | 0.066      | 0.084      |
| BT13  | BT         | BT_spg  | 0.631          | 0.116        | 0.025        | 0.171         | 0.127         | 0.014              | 0.278           | 0.005                   | 0.039             | 0.058     | 0.067     | 0.51        | 0.091       | 1           | 0            | 0.039      | 0.062      | 0.062      | 0.03       |
| BT14  | BT         | BT_spg  | 0.699          | 0.099        | 0.024        | 0.18          | 0.118         | 0.01               | 0.303           | 0.003                   | 0.038             | 0.042     | 0.062     | 0.476       | 0.087       | 1           | 0            | 0.042      | 0.053      | 0.055      | 0.015      |
| BT15  | BT         | BT_spg  | 0.636          | 0.103        | 0.04         | 0.194         | 0.125         | 0.011              | 0.304           | 0.004                   | 0.043             | 0.043     | 0.06      | 0.499       | 0.104       | 1           | 0            | 0.04       | 0.056      | 0.055      | 0.014      |
| BT16  | BT         | BT_spg  | 0.567          | 0.099        | 0.022        | 0.169         | 0.116         | 0.009              | 0.288           | 0.004                   | 0.041             | 0.054     | 0.063     | 0.433       | 0.096       | 1           | 0            | 0.037      | 0.054      | 0.047      | 0.013      |
| BT17  | BT         | BT_spg  | 0.546          | 0.095        | 0.025        | 0.157         | 0.109         | 0.009              | 0.004           | 0.004                   | 0.044             | 0.048     | 0.059     | 0.423       | 0.092       | 1           | 0            | 0.047      | 0.048      | 0.052      | 0.02       |
| BT18  | BT         | BT_spg  | 0.608          | 0.104        | 0.024        | 0.183         | 0.117         | 0.01               | 0.307           | 0.004                   | 0.037             | 0.048     | 0.063     | 0.465       | 0.105       | 1           | 0            | 0.035      | 0.051      | 0.048      | 0.016      |
| BT19  | BT         | BT_spg  | 0.634          | 0.106        | 0.022        | 0.192         | 0.132         | 0.011              | 0.326           | 0.004                   | 0.041             | 0.046     | 0.066     | 0.457       | 0.113       | 1           | 0            | 0.038      | 0.046      | 0.056      | 0.019      |
| BT20  | BT         | BT_spg  | 0.56           | 0.104        | 0.037        | 0.154         | 0.118         | 0.014              | 0.014           | 0.003                   | 0.043             | 0.049     | 0.059     | 0.42        | 0.085       | 1           | 0            | 0.032      | 0.058      | 0.057      | 0.021      |
| BT21  | BT         | BT_spg  | 1.019          | 0.159        | 0.069        | 0.311         | 0.214         | 0.024              | 0.41            | 0.005                   | 0.083             | 0.054     | 0.087     | 0.787       | 0.178       | 1           | 0            | 0.061      | 0.092      | 0.081      | 0.032      |
| BT24  | BT         | BT_spg  | 0.999          | 0.17         | 0.06         | 0.319         | 0.21          | 0.019              | 0.423           | 0.005                   | 0.084             | 0.054     | 0.089     | 0.796       | 0.19        | 1           | 0            | 0.063      | 0.076      | 0.086      | 0.035      |
| PC3   | PC         | PC_spg  | 1.383          | 0.282        | 0.124        | 0.57          | 0.372         | 0.022              | 1.36            | 0.011                   | 0.114             | 0.108     | 0.135     | 1.152       | 0.264       | 0           | 0            | 0.128      | 0.154      | 0.169      | 0.081      |
| PC10  | PC         | PC_spg  | 1.891          | 0.219        | 0.122        | 0.271         | 0.383         | 0.021              | 0.954           | 0.007                   | 0.12              | 0.076     | 0.09      | 1.096       | 0.37        | 0           | 0            | 0.114      | 0.12       | 0.123      | 0.184      |
| PC11  | PC         | PC_spg  | 1.909          | 0.29         | 0.066        | 0.556         | 0.431         | 0.019              | 1.022           | 0.011                   | 0.104             | 0.1       | 1.147     | 1.502       | 0.322       | 0           | 0            | 0.097      | 0.132      | 0.167      | 0.079      |
| PC12  | PC         | PC_spg  | 1.909          | 0.28         | 0.064        | 0.537         | 0.372         | 0.021              | 1.021           | 0.01                    | 0.099             | 0.11      | 1.133     | 1.517       | 0.349       | 0           | 0            | 0.111      | 0.166      | 0.136      | 0.072      |
| PC13  | PC         | PC_spg  | 2.045          | 0.287        | 0.071        | 0.544         | 0.454         | 0.017              | 1.03            | 0.009                   | 0.09              | 0.065     | 0.128     | 1.682       | 0.385       | 0           | 0            | 0.084      | 0.139      | 0.159      | 0.093      |
| PC14  | PC         | PC_spg  | 2.08           | 0.28         | 0.066        | 0.578         | 0.417         | 0.02               | 1.13            | 0.008                   | 0.094             | 0.126     | 0.151     | 1.726       | 0.386       | 0           | 0            | 0.131      | 0.16       | 0.159      | 0.103      |
| PC15  | PC         | PC_spg  | 1.961          | 0.281        | 0.116        | 0.535         | 0.377         | 0.023              | 1.035           | 0.01                    | 0.115             | 0.103     | 0.131     | 1.627       | 0.332       | 0           | 0            | 0.107      | 0.144      | 0.139      | 0.091      |
| PC16  | PC         | PC_spg  | 2.289          | 0.29         | 0.058        | 0.573         | 0.46          | 0.02               | 1.195           | 0.007                   | 0.11              | 0.15      | 0.163     | 1.776       | 0.346       | 0           | 0            | 0.138      | 0.161      | 0.177      | 0.091      |
| PC17  | PC         | PC_spg  | 2.069          | 0.295        | 0.111        | 0.582         | 0.471         | 0.03               | 1.145           | 0.012                   | 0.11              | 0.088     | 0.139     | 1.697       | 0.346       | 0           | 0            | 0.133      | 0.172      | 0.153      | 0.082      |
| PC18  | PC         | PC_spg  | 2.249          | 0.279        | 0.065        | 0.573         | 0.445         | 0.021              | 1.245           | 0.013                   | 0.098             | 0.171     | 0.172     | 1.768       | 0.428       | 0           | 0            | 0.109      | 0.142      | 0.189      | 0.092      |
| HUE4  | HUE        | HUE_spg | 0.817          | 0.14         | 0.031        | 0.193         | 0.151         | 0.017              | 0.35            | 0.003                   | 0.058             | 0.067     | 0.074     | 0.696       | 0.102       | 1           | 0            | 0.048      | 0.061      | 0.067      | 0.035      |
| HUE5  | HUE        | HUE_spg | 0.789          | 0.138        | 0.021        | 0.191         | 0.142         | 0.012              | 0.302           | 0.003                   | 0.064             | 0.065     | 0.079     | 0.623       | 0.104       | 1           | 0            | 0.048      | 0.069      | 0.071      | 0.036      |
| HUE6  | HUE        | HUE_spg | 0.889          | 0.138        | 0.018        | 0.195         | 0.145         | 0.019              | 0.379           | 0.003                   | 0.064             | 0.061     | 0.075     | 0.722       | 0.113       | 1           | 0            | 0.049      | 0.069      | 0.071      | 0.036      |
| HUE7  | HUE        | HUE_spg | 0.892          | 0.138        | 0.045        | 0.196         | 0.134         | 0.01               | 0.358           | 0.003                   | 0.061             | 0.044     | 0.072     | 0.672       | 0.105       | 1           | 0            | 0.048      | 0.061      | 0.065      | 0.032      |
| HUE8  | HUE        | HUE_spg | 0.78           | 0.128        | 0.041        | 0.191         | 0.14          | 0.01               | 0.328           | 0.003                   | 0.061             | 0.057     | 0.069     | 0.637       | 0.108       | 1           | 0            | 0.051      | 0.041      | 0.048      | 0.022      |
| HUE9  | HUE        | HUE_spg | 0.779          | 0.142        | 0.05         | 0.183         | 0.144         | 0.014              | 0.321           | 0.004                   | 0.06              | 0.052     | 0.07      | 0.641       | 0.104       | 1           | 0            | 0.048      | 0.067      | 0.068      | 0.025      |
| HUE10 | HUE        | HUE_spg | 0.83           | 0.135        | 0.04         | 0.191         | 0.12          | 0.019              | 0.371           | 0.004                   | 0.063             | 0.051     | 0.065     | 0.694       | 0.123       | 1           | 0            | 0.056      | 0.062      | 0.066      | 0.028      |
| HUE11 | HUE        | HUE_spg | 0.821          | 0.138        | 0.031        | 0.196         | 0.162         | 0.014              | 0.004           | 0.004                   | 0.059             | 0.044     | 0.064     | 0.679       | 0.127       | 1           | 0            | 0.038      | 0.053      | 0.046      | 0.022      |
| HUE12 | HUE        | HUE_spg | 0.874          | 0.091        | 0.038        | 0.164         | 0.127         | 0.011              | 0.265           | 0.002                   | 0.066             | 0.043     | 0.049     | 0.492       | 0.083       | 1           | 0            | 0.056      | 0.06       | 0.06       | 0.04       |
| HUE13 | HUE        | HUE_spg | 0.669          | 0.096        | 0.026        | 0.159         | 0.133         | 0.018              | 0.265           | 0.003                   | 0.047             | 0.025     | 0.041     | 0.533       | 0.105       | 1           | 0            | 0.058      | 0.042      | 0.044      | 0.063      |
| XE4   | XE         | XE_spg  | 1.371          | 0.199        | 0.069        | 0.289         | 0.183         | 0.022              | 0.525           | 0.007                   | 0.088             | 0.095     | 0.106     | 1.138       | 0.186       | 1           | 0            | 0.114      | 0.134      | 0.123      | 0.057      |
| XE5   | XE         | XE_spg  | 1.456          | 0.204        | 0.023        | 0.306         | 0.169         | 0.029              | 0.496           | 0.008                   | 0.088             | 0.085     | 0.101     | 1.238       | 0.19        | 1           | 0            | 0.095      | 0.118      | 0.101      | 0.048      |
| XE6   | XE         | XE_spg  | 1.178          | 0.152        | 0.027        | 0.276         | 0.158         | 0.026              | 0.423           | 0.006                   | 0.084             | 0.063     | 0.077     | 0.959       | 0.142       | 1           | 0            | 0.099      | 0.117      | 0.107      | 0.1        |
| XE7   | XE         | XE_spg  | 1.271          | 0.189        | 0.054        | 0.289         | 0.185         | 0.019              | 0.019           | 0.007                   | 0.092             | 0.072     | 0.091     | 1.087       | 0.15        | 1           | 0            | 0.077      | 0.095      | 0.093      | 0.032      |
| XE8   | XE         | XE_spg  | 1.196          | 0.167        | 0.035        | 0.24          | 0.153         | 0.016              | 0.443           | 0.005                   | 0.089             | 0.067     | 0.066     | 0.946       | 0.117       | 1           | 0            | 0.064      | 0.078      | 0.068      | 0.036      |
| XE9   | XE         | XE_spg  | 1.286          | 0.187        | 0.069        | 0.264         | 0.162         | 0.023              | 0.534           | 0.006                   | 0.079             | 0.091     | 0.111     | 1.065       | 0.172       | 1           | 0            | 0.091      | 0.119      | 0.106      | 0.054      |
| XE10  | XE         | XE_spg  | 1.175          | 0.179        | 0.031        | 0.264         | 0.198         | 0.02               | 0.494           | 0.004                   | 0.087             | 0.077     | 0.091     | 0.946       | 0.132       | 1           | 0            | 0.067      | 0.102      | 0.088      | 0.045      |
| EC21  | EC         | EC_spg  | 1.265          | 0.191        | 0.039        | 0.295         | 0.189         | 0.024              | 0.547           | 0.005                   | 0.089             | 0.089     | 0.097     | 1.041       | 0.151       | 1           | 0            | 0.105      | 0.111      | 0.126      | 0.022      |
| EC22  | EC         | EC_spg  | 1.246          | 0.186        | 0.033        | 0.283         | 0.179         | 0.024              | 0.51            | 0.004                   | 0.074             | 0.08      | 0.098     | 1.032       | 0.158       | 1           | 0            | 0.095      | 0.12       | 0.111      | 0.018      |
| EC23  | EC         | EC_spg  | 1.313          | 0.185        | 0.033        | 0.282         | 0.213         | 0.024              | 0.525           | 0.005                   | 0.075             | 0.082     | 0.111     | 1.071       | 0.154       | 1           | 0            | 0.116      | 0.112      | 0.113      | 0.006      |
| EC24  | EC         | EC_spg  | 1.121          | 0.162        | 0.035        | 0.239         | 0.162         | 0.02               | 0.407           | 0.005                   | 0.076             | 0.072     | 0.092     | 0.915       | 0.135       | 1           | 0            | 0.083      | 0.088      | 0.085      | 0.039      |
| EC25  | EC         | EC_spg  | 1.113          | 0.169        | 0.035        | 0.247         | 0.172         | 0.018              | 0.456           | 0.004                   | 0.082             | 0.087     | 0.095     | 0.903       | 0.132       | 1           | 0            | 0.08       | 0.086      | 0.079      | 0.022      |
| EC26  | EC         | EC_spg  | 1.157          | 0.184        | 0.041        | 0.254         | 0.182         | 0.022              | 0.4             |                         |                   |           |           |             |             |             |              |            |            |            |            |



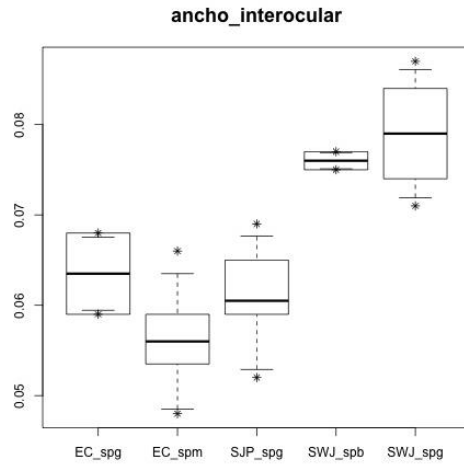
**FIGURA 50.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho del élitro” para *Photinus*



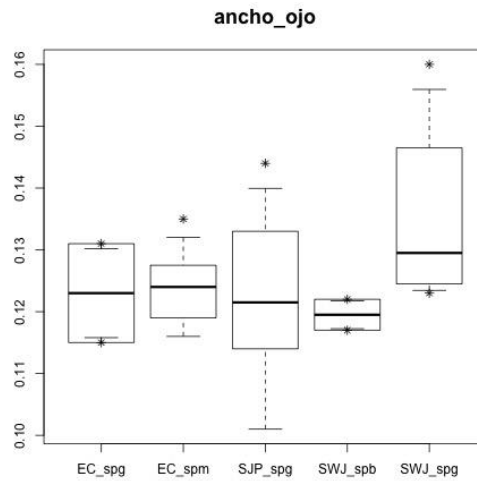
**FIGURA 51.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho de la fosa interantenal” para *Photinus*



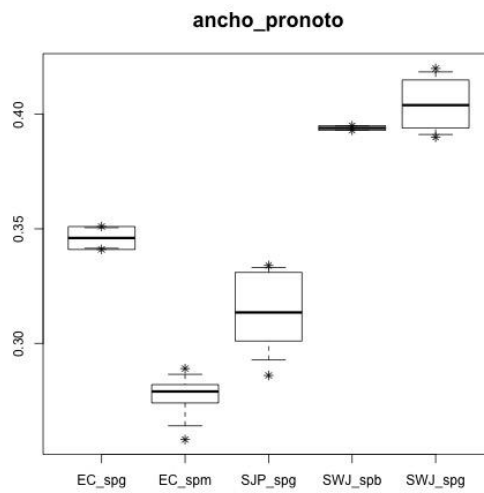
**FIGURA 52.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho interantenal” para *Photinus*



**FIGURA 53.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho interocular” para *Photinus*



**FIGURA 54.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho del ojo” para *Photinus*



**FIGURA 55.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho del pronoto” para *Photinus*

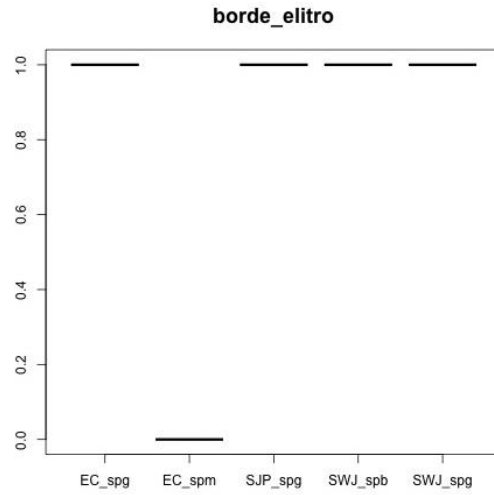


FIGURA 56. Boxplot de la variable morfométrica “borde del élitro” para *Photinus*

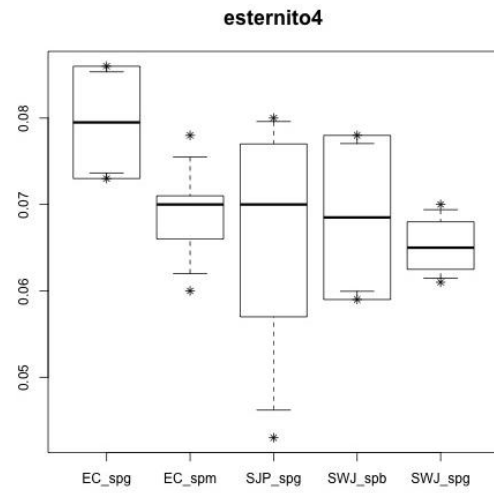


FIGURA 57. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 4” para *Photinus*

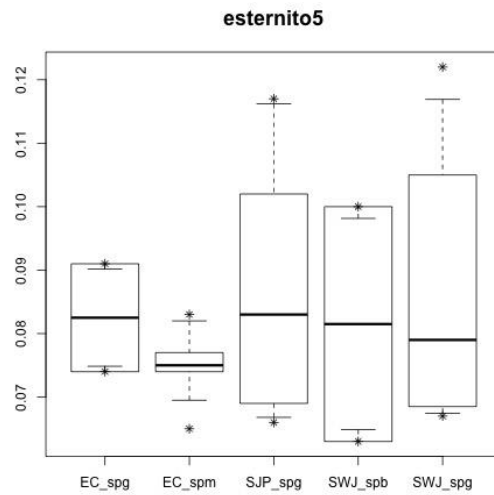


FIGURA 58. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 5” para *Photinus*

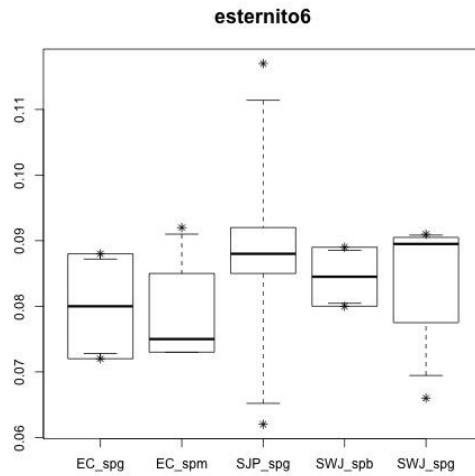


FIGURA 59. Boxplot de la variable morfológica “esternito 6” para *Photinus*

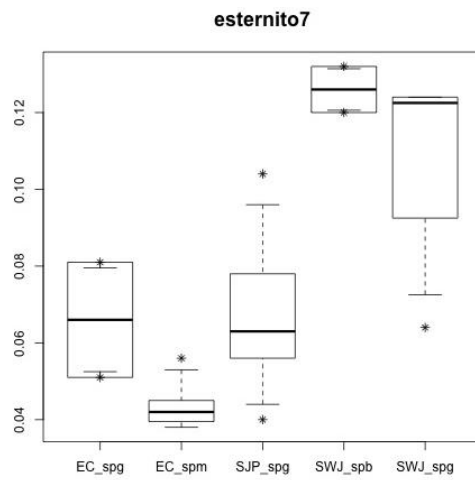


FIGURA 60. Boxplot de la variable morfológica “esternito 7” para *Photinus*

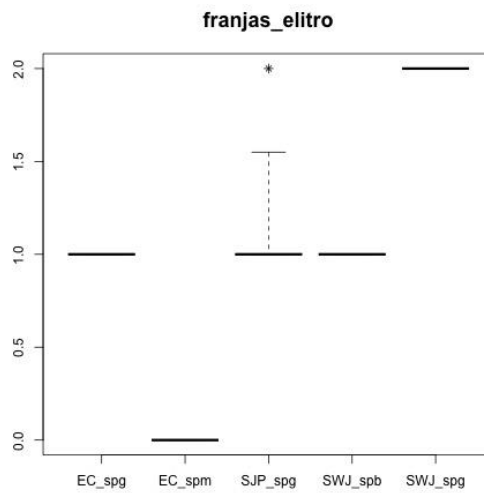


FIGURA 61. Boxplot de la variable morfológica “franjas del élitro” para *Photinus*

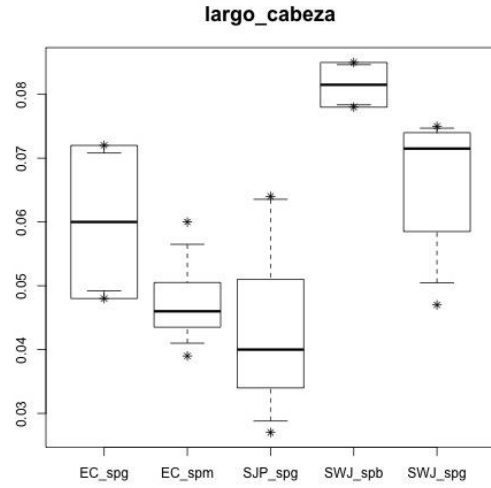


FIGURA 62. Boxplot de la variable morfométrica “largo de cabeza” para *Photinus*

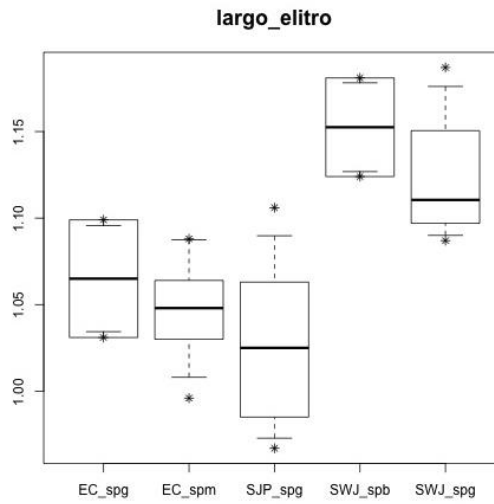


FIGURA 63. Boxplot de la variable morfométrica “largo del élitro” para *Photinus*

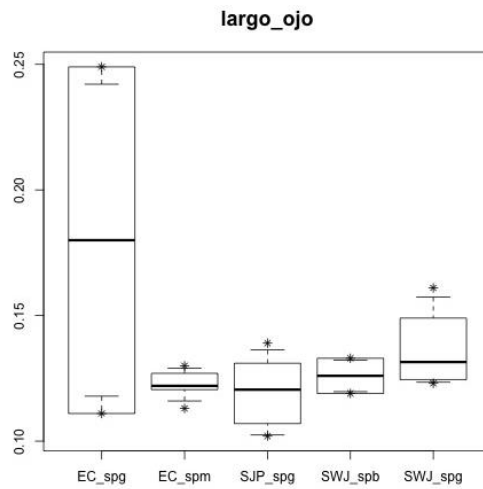


FIGURA 64. Boxplot de la variable morfométrica “largo del ojo” para *Photinus*

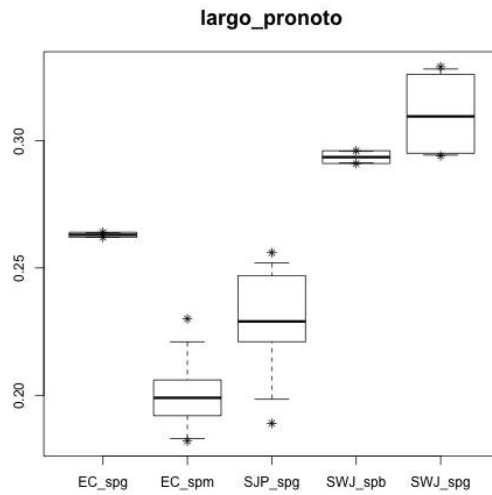


FIGURA 65. Boxplot de la variable morfométrica “largo del pronoto” para *Photinus*

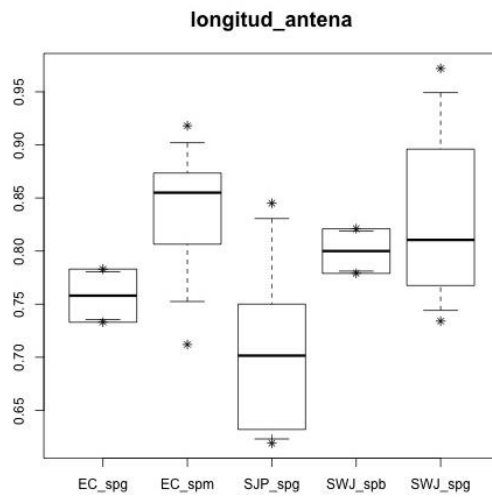


FIGURA 66. Boxplot de la variable morfométrica “longitud de antena” para *Photinus*

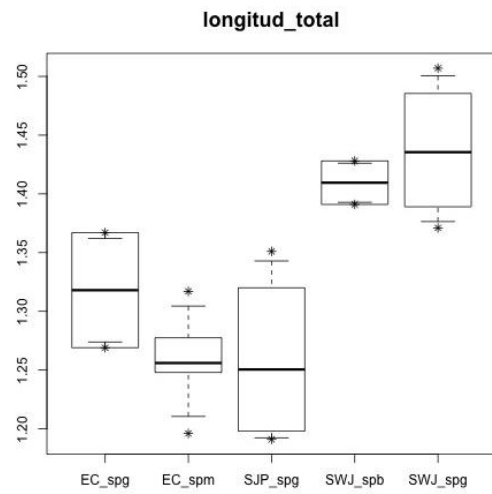
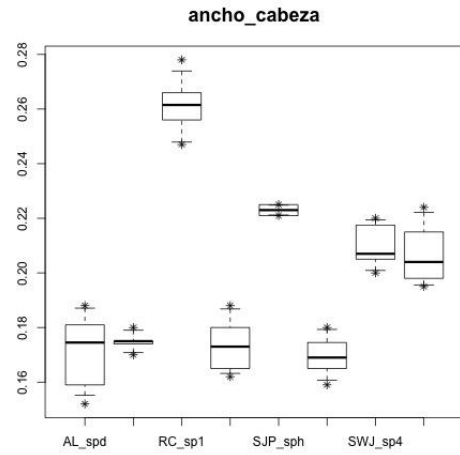


FIGURA 67. Boxplot de la variable morfométrica “longitud total” para *Photinus*

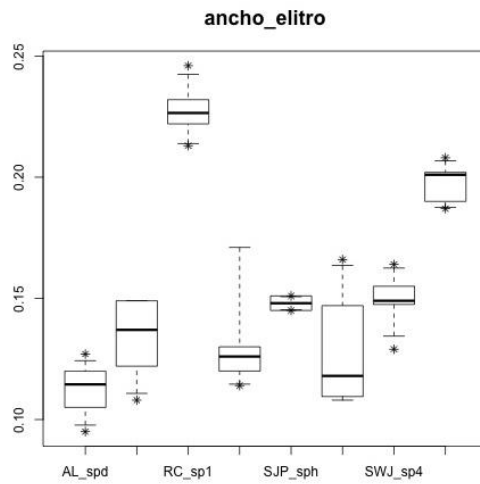
**CUADRO 7. Resultados de la prueba de normalidad Shapiro-Wilk para las variables morfométricas de *Photinus***

| Variable                | W       | Valor p   |
|-------------------------|---------|-----------|
| longitud_total          | 0.88425 | 4.218e-05 |
| ancho_cabeza            | 0.88953 | 6.38e-05  |
| largo_cabeza            | 0.86200 | 8.156e-06 |
| ancho_pronoto           | 0.80876 | 2.682e-07 |
| largo_pronoto           | 0.76063 | 1.94e-08  |
| ancho_interantenal      | 0.94242 | 0.007588  |
| longitud_antena         | 0.78675 | 7.714e-08 |
| ancho_fosa_interantenal | 0.82672 | 7.914e-07 |
| ancho_interocular       | 0.98190 | 0.5254    |
| ancho_ojo               | 0.88975 | 6.489e-05 |
| largo_ojo               | 0.92657 | 0.001581  |
| largo_elitro            | 0.90062 | 0.0001571 |
| ancho_elitro            | 0.82062 | 5.44e-07  |
| borde_elitro            | 0.62812 | 5.783e-11 |
| franjas_elitro          | 0.17728 | 2.2e-16   |
| esternito4              | 0.92368 | 0.001203  |
| esternito5              | 0.93470 | 0.003479  |
| esternito6              | 0.89473 | 9.675e-05 |
| esternito7              | 0.80186 | 1.798e-07 |

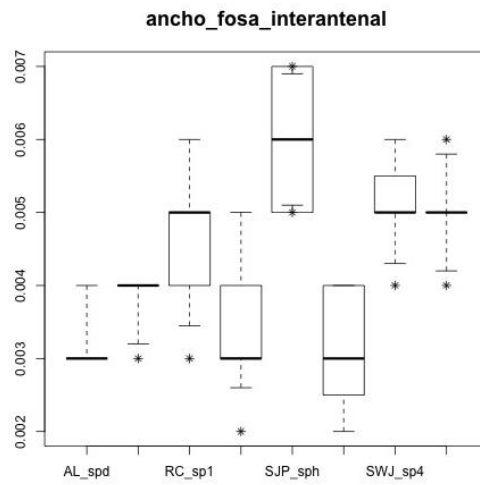
| ID    | Population | Taxon    | longitud_total | ancho_cabeza | largo_cabeza | ancho_pronoto | largo_pronoto | ancho_interantenal | longitud_antena | ancho_fosa_interantenal | ancho_interocular | ancho_ojo | largo_ojo | largo_elitro | ancho_elitro | borde_elitro | franjas_elitro | esternito4 | esternito5 | esternito6 | esternito7 |
|-------|------------|----------|----------------|--------------|--------------|---------------|---------------|--------------------|-----------------|-------------------------|-------------------|-----------|-----------|--------------|--------------|--------------|----------------|------------|------------|------------|------------|
| SJP37 | SJP        | SJP_sph  | 1.044          | 0.221        | 0.083        | 0.264         | 0.162         | 0.011              | 0.58            | 0.007                   | 0.085             | 0.127     | 0.128     | 0.842        | 0.145        | 1            | 1              | 0.052      | 0.071      | 0.069      | 0.038      |
| SJP38 | SJP        | SJP_sph  | 1.013          | 0.225        | 0.064        | 0.27          | 0.193         | 0.009              | 0.523           | 0.005                   | 0.055             | 0.131     | 0.127     | 0.815        | 0.151        | 1            | 1              | 0.059      | 0.08       | 0.083      | 0.039      |
| AL4   | AL         | AL_spd   | 0.767          | 0.152        | 0.023        | 0.194         | 0.149         | 0.01               | 0.349           | 0.003                   | 0.044             | 0.073     | 0.084     | 0.6          | 0.105        | 1            | 0              | 0.041      | 0.044      | 0.045      | 0.022      |
| AL6   | AL         | AL_spd   | 0.824          | 0.181        | 0.028        | 0.216         | 0.157         | 0.009              | 0.461           | 0.003                   | 0.04              | 0.071     | 0.095     | 0.649        | 0.112        | 1            | 0              | 0.042      | 0.044      | 0.047      | 0.023      |
| AL7   | AL         | AL_spd   | 0.819          | 0.177        | 0.043        | 0.211         | 0.155         | 0.013              | 0.444           | 0.003                   | 0.047             | 0.077     | 0.093     | 0.646        | 0.113        | 1            | 0              | 0.04       | 0.036      | 0.048      | 0.025      |
| AL8   | AL         | AL_spd   | 0.807          | 0.17         | 0.038        | 0.202         | 0.142         | 0.008              | 0.439           | 0.004                   | 0.042             | 0.079     | 0.09      | 0.635        | 0.114        | 1            | 0              | 0.044      | 0.046      | 0.051      | 0.027      |
| AL9   | AL         | AL_spd   | 0.87           | 0.188        | 0.036        | 0.223         | 0.166         | 0.011              | 0.479           | 0.004                   | 0.043             | 0.082     | 0.096     | 0.689        | 0.121        | 1            | 0              | 0.05       | 0.044      | 0.05       | 0.021      |
| AL10  | AL         | AL_spd   | 0.852          | 0.172        | 0.022        | 0.22          | 0.165         | 0.013              | 0.453           | 0.003                   | 0.047             | 0.074     | 0.092     | 0.666        | 0.116        | 1            | 0              | 0.037      | 0.043      | 0.041      | 0.019      |
| AL11  | AL         | AL_spd   | 0.826          | 0.181        | 0.035        | 0.217         | 0.173         | 0.01               | 0.453           | 0.003                   | 0.046             | 0.09      | 0.099     | 0.65         | 0.115        | 1            | 0              | 0.042      | 0.052      | 0.049      | 0.015      |
| AL12  | AL         | AL_spd   | 0.931          | 0.186        | 0.028        | 0.228         | 0.186         | 0.011              | 0.473           | 0.003                   | 0.047             | 0.088     | 0.096     | 0.734        | 0.127        | 1            | 0              | 0.042      | 0.05       | 0.055      | 0.033      |
| AL13  | AL         | AL_spd   | 0.697          | 0.159        | 0.029        | 0.186         | 0.132         | 0.008              | 0.387           | 0.003                   | 0.037             | 0.071     | 0.086     | 0.538        | 0.101        | 1            | 0              | 0.036      | 0.036      | 0.045      | 0.026      |
| AL14  | AL         | AL_spd   | 0.684          | 0.159        | 0.037        | 0.179         | 0.123         | 0.01               | 0.333           | 0.003                   | 0.036             | 0.071     | 0.079     | 0.522        | 0.095        | 1            | 0              | 0.037      | 0.038      | 0.041      | 0.022      |
| BT5   | BT         | BT_spd   | 0.732          | 0.17         | 0.032        | 0.23          | 0.157         | 0.011              | 0.683           | 0.003                   | 0.047             | 0.081     | 0.099     | 0.863        | 0.122        | 1            | 0              | 0.046      | 0.048      | 0.067      | 0.024      |
| BT6   | BT         | BT_spd   | 0.829          | 0.174        | 0.026        | 0.236         | 0.17          | 0.008              | 0.395           | 0.004                   | 0.041             | 0.083     | 0.099     | 0.627        | 0.127        | 1            | 0              | 0.047      | 0.054      | 0.055      | 0.031      |
| BT7   | BT         | BT_spd   | 0.804          | 0.175        | 0.028        | 0.23          | 0.166         | 0.012              | 0.422           | 0.004                   | 0.052             | 0.07      | 0.096     | 0.625        | 0.108        | 1            | 0              | 0.05       | 0.055      | 0.067      | 0.112      |
| BT8   | BT         | BT_spd   | 1.003          | 0.175        | 0.028        | 0.314         | 0.173         | 0.015              | 0.385           | 0.004                   | 0.061             | 0.053     | 0.084     | 0.764        | 0.149        | 1            | 0              | 0.072      | 0.089      | 0.098      | 0.101      |
| BT9   | BT         | BT_spd   | 0.837          | 0.18         | 0.029        | 0.254         | 0.178         | 0.011              | 0.408           | 0.004                   | 0.043             | 0.091     | 0.108     | 0.636        | 0.149        | 1            | 0              | 0.061      | 0.058      | 0.074      | 0.042      |
| SWJ9  | SWJ        | SWJ_sph4 | 1.037          | 0.203        | 0.039        | 0.251         | 0.204         | 0.01               | 0.683           | 0.006                   | 0.039             | 0.119     | 0.115     | 0.815        | 0.148        | 1            | 0              | 0.05       | 0.07       | 0.069      | 0.047      |
| SWJ10 | SWJ        | SWJ_sph4 | 1.097          | 0.207        | 0.041        | 0.257         | 0.207         | 0.008              | 0.691           | 0.006                   | 0.038             | 0.119     | 0.118     | 0.854        | 0.149        | 1            | 0              | 0.04       | 0.067      | 0.067      | 0.046      |
| SWJ11 | SWJ        | SWJ_sph4 | 1.128          | 0.218        | 0.051        | 0.284         | 0.211         | 0.008              | 0.771           | 0.005                   | 0.043             | 0.122     | 0.124     | 0.902        | 0.164        | 1            | 0              | 0.077      | 0.08       | 0.078      | 0.061      |
| SWJ12 | SWJ        | SWJ_sph4 | 1.097          | 0.22         | 0.04         | 0.263         | 0.182         | 0.009              | 0.73            | 0.005                   | 0.049             | 0.123     | 0.124     | 0.908        | 0.147        | 1            | 0              | 0.052      | 0.088      | 0.096      | 0.042      |
| SWJ13 | SWJ        | SWJ_sph4 | 1.073          | 0.207        | 0.048        | 0.24          | 0.19          | 0.011              | 0.682           | 0.005                   | 0.037             | 0.115     | 0.117     | 0.891        | 0.159        | 1            | 0              | 0.064      | 0.089      | 0.083      | 0.044      |
| SWJ14 | SWJ        | SWJ_sph4 | 1.177          | 0.217        | 0.035        | 0.269         | 0.227         | 0.01               | 0.666           | 0.005                   | 0.051             | 0.109     | 0.106     | 0.928        | 0.169        | 1            | 0              | 0.069      | 0.073      | 0.073      | 0.054      |
| SWJ15 | SWJ        | SWJ_sph4 | 1.152          | 0.2          | 0.032        | 0.273         | 0.201         | 0.01               | 0.699           | 0.004                   | 0.052             | 0.104     | 0.102     | 0.938        | 0.151        | 1            | 0              | 0.062      | 0.063      | 0.055      | 0.045      |
| SWJ19 | SWJ        | SWJ_spt  | 1.226          | 0.215        | 0.045        | 0.318         | 0.253         | 0.006              | 0.57            | 0.004                   | 0.048             | 0.109     | 0.112     | 0.97         | 0.201        | 1            | 1              | 0.072      | 0.097      | 0.103      | 0.032      |
| SWJ20 | SWJ        | SWJ_spt  | 1.256          | 0.224        | 0.036        | 0.352         | 0.266         | 0.008              | 0.659           | 0.005                   | 0.059             | 0.112     | 0.116     | 0.991        | 0.208        | 1            | 1              | 0.096      | 0.11       | 0.101      | 0.032      |
| SWJ21 | SWJ        | SWJ_spt  | 1.093          | 0.204        | 0.046        | 0.303         | 0.224         | 0.009              | 0.499           | 0.005                   | 0.052             | 0.099     | 0.104     | 0.896        | 0.19         | 1            | 1              | 0.064      | 0.093      | 0.073      | 0.019      |
| SWJ22 | SWJ        | SWJ_spt  | 1.125          | 0.195        | 0.051        | 0.297         | 0.232         | 0.008              | 0.501           | 0.005                   | 0.046             | 0.09      | 0.101     | 0.892        | 0.187        | 1            | 1              | 0.068      | 0.093      | 0.066      | 0.022      |
| SWJ23 | SWJ        | SWJ_spt  | 1.207          | 0.198        | 0.036        | 0.337         | 0.257         | 0.009              | 0.542           | 0.006                   | 0.071             | 0.076     | 0.104     | 0.955        | 0.202        | 1            | 1              | 0.106      | 0.089      | 0.082      | 0.049      |
| RC10  | RC         | RC_sp1   | 1.395          | 0.249        | 0.026        | 0.384         | 0.271         | 0.011              | 0.612           | 0.003                   | 0.053             | 0.114     | 0.126     | 1.119        | 0.232        | 1            | 0              | 0.062      | 0.092      | 0.08       | 0.055      |
| RC11  | RC         | RC_sp1   | 1.462          | 0.26         | 0.038        | 0.407         | 0.281         | 0.01               | 0.671           | 0.005                   | 0.06              | 0.132     | 0.145     | 1.218        | 0.246        | 1            | 0              | 0.071      | 0.097      | 0.095      | 0.031      |
| RC12  | RC         | RC_sp1   | 1.298          | 0.247        | 0.069        | 0.374         | 0.251         | 0.012              | 0.632           | 0.005                   | 0.072             | 0.119     | 0.125     | 1.068        | 0.213        | 1            | 0              | 0.058      | 0.079      | 0.083      | 0.052      |
| RC13  | RC         | RC_sp1   | 1.416          | 0.265        | 0.036        | 0.397         | 0.269         | 0.009              | 0.671           | 0.004                   | 0.061             | 0.138     | 0.136     | 1.155        | 0.224        | 1            | 0              | 0.073      | 0.108      | 0.093      | 0.032      |
| RC14  | RC         | RC_sp1   | 1.324          | 0.266        | 0.038        | 0.383         | 0.251         | 0.011              | 0.721           | 0.004                   | 0.055             | 0.137     | 0.128     | 1.062        | 0.215        | 1            | 0              | 0.081      | 0.076      | 0.076      | 0.041      |
| RC15  | RC         | RC_sp1   | 1.416          | 0.262        | 0.049        | 0.412         | 0.309         | 0.008              | 0.711           | 0.004                   | 0.058             | 0.143     | 0.137     | 1.131        | 0.238        | 1            | 0              | 0.07       | 0.083      | 0.113      | 0.043      |
| RC16  | RC         | RC_sp1   | 1.415          | 0.269        | 0.03         | 0.398         | 0.297         | 0.012              | 0.672           | 0.005                   | 0.066             | 0.13      | 0.135     | 1.137        | 0.228        | 1            | 0              | 0.063      | 0.085      | 0.084      | 0.034      |
| RC17  | RC         | RC_sp1   | 1.352          | 0.256        | 0.055        | 0.379         | 0.283         | 0.008              | 0.656           | 0.006                   | 0.058             | 0.119     | 0.119     | 1.116        | 0.227        | 1            | 0              | 0.064      | 0.096      | 0.078      | 0.037      |
| RC18  | RC         | RC_sp1   | 1.358          | 0.261        | 0.029        | 0.375         | 0.276         | 0.008              | 0.657           | 0.006                   | 0.062             | 0.138     | 0.134     | 1.104        | 0.222        | 1            | 0              | 0.066      | 0.104      | 0.097      | 0.033      |
| RC19  | RC         | RC_sp1   | 1.417          | 0.278        | 0.056        | 0.398         | 0.275         | 0.012              | 0.705           | 0.005                   | 0.063             | 0.131     | 0.135     | 1.17         | 0.226        | 1            | 0              | 0.06       | 0.087      | 0.085      | 0.037      |
| SA21  | SA         | SA_spd   | 0.842          | 0.185        | 0.043        | 0.228         | 0.166         | 0.011              | 0.003           | 0.049                   | 0.089             | 0.099     | 0.66      | 0.125        | 1            | 0            | 0.038          | 0.048      | 0.053      | 0.025      |            |
| SA22  | SA         | SA_spd   | 0.795          | 0.164        | 0.022        | 0.208         | 0.156         | 0.011              | 0.38            | 0.003                   | 0.044             | 0.086     | 0.098     | 0.629        | 0.115        | 1            | 0              | 0.039      | 0.046      | 0.045      | 0.028      |
| SA23  | SA         | SA_spd   | 0.853          | 0.188        | 0.037        | 0.234         | 0.152         | 0.008              | 0.489           | 0.003                   | 0.043             | 0.095     | 0.102     | 0.661        | 0.13         | 1            | 0              | 0.042      | 0.052      | 0.052      | 0.036      |
| SA24  | SA         | SA_spd   | 0.814          | 0.18         | 0.051        | 0.224         | 0.168         | 0.007              | 0.467           | 0.003                   | 0.047             | 0.082     | 0.097     | 0.642        | 0.13         | 1            | 0              | 0.028      | 0.04       | 0.054      | 0.026      |
| SA25  | SA         | SA_spd   | 0.811          | 0.176        | 0.054        | 0.213         | 0.158         | 0.008              | 0.464           | 0.003                   | 0.043             | 0.075     | 0.097     | 0.637        | 0.12         | 1            | 0              | 0.043      | 0.049      | 0.056      | 0.025      |
| SA26  | SA         | SA_spd   | 0.816          | 0.179        | 0.033        | 0.229         | 0.168         | 0.01               | 0.451           | 0.003                   | 0.043             | 0.08      | 0.086     | 0.635        | 0.114        | 1            | 0              | 0          | 0          | 0          | 0          |
| SA27  | SA         | SA_spd   | 0.805          | 0.173        | 0.054        | 0.214         | 0.15          | 0.008              | 0.453           | 0.003                   | 0.051             | 0.077     | 0.096     | 0.621        | 0.13         | 1            | 0              | 0.048      | 0.05       | 0.058      | 0.028      |
| SA28  | SA         | SA_spd   | 0.778          | 0.165        | 0.025        | 0.204         | 0.16          | 0.01               | 0.405           | 0.002                   | 0.04              | 0.086     | 0.092     | 0.614        | 0.117        | 1            | 0              | 0.041      | 0.042      | 0.044      | 0.019      |
| SA29  | SA         | SA_spd   | 0.858          | 0.173        | 0.023        | 0.222         | 0.171         | 0.012              | 0.445           | 0.003                   | 0.05              | 0.092     | 0.095     | 0.674        | 0.125        | 1            | 0              | 0.048      | 0.049      | 0.051      | 0.017      |
| SA30  | SA         | SA_spd   | 0.802          | 0.173        | 0.049        | 0.215         | 0.139         | 0.012              | 0.424           | 0.004                   | 0.048             | 0.078     | 0.095     | 0.632        | 0.126        | 1            | 0              | 0.038      | 0.055      | 0.053      | 0.017      |
| SA31  | SA         | SA_spd   | 0.822          | 0.186        | 0.032        | 0.223         | 0.163         | 0.008              | 0.464           | 0.005                   | 0.043             | 0.078     | 0.1       | 0.634        | 0.132        | 1            | 0              | 0.046      | 0.054      | 0.054      | 0.027      |
| SA81  | SA         | SA_spd   | 1.002          | 0.162        | 0.031        | 0.29          | 0.214         | 0.016              | 0.485           | 0.004                   | 0.065             | 0.06      | 0.777     | 0.79         | 0.171        | 1            | 0              | 0.071      | 0.059      | 0.072      | 0.081      |
| SA82  | SA         | SA_spd   | 0.87           | 0.165        | 0.032        | 0.299         | 0.219         | 0.016              | 0.506           | 0.005                   | 0.075             | 0.063     | 0.083     | 0.762        | 0.171        | 1            | 0              | 0.056      | 0.051      | 0.077      | 0.06       |
| SRB5  | SRB        | SRB_spd  | 0.82           | 0.178        | 0.043        | 0.239         | 0.165         | 0.014              | 0.448           | 0.003                   | 0.046             | 0.071     | 0.101     | 0.627        | 0.124        | 1            | 0              | 0.041      | 0.053      | 0.055      | 0.025      |
| SRB6  | SRB        | SRB_spd  | 0.835          | 0.18         | 0.028        | 0.232         | 0.184         | 0.01               | 0.466           | 0.0                     |                   |           |           |              |              |              |                |            |            |            |            |



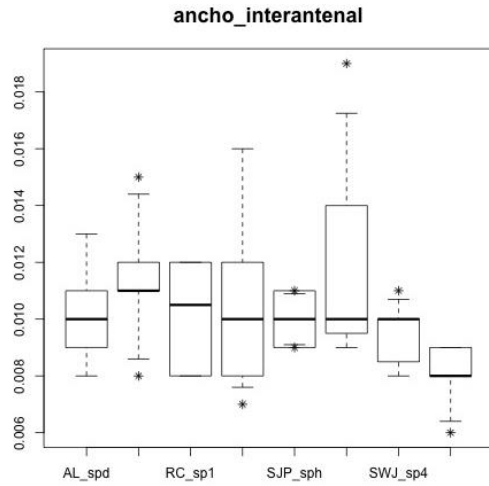
**FIGURA 69.** Boxplot de la variable morfológica “ancho de cabeza” para *Bicellonycha*



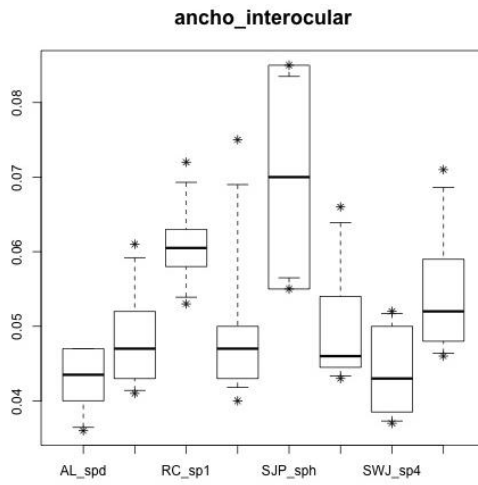
**FIGURA 70.** Boxplot de la variable morfológica “ancho del élitro” para *Bicellonycha*



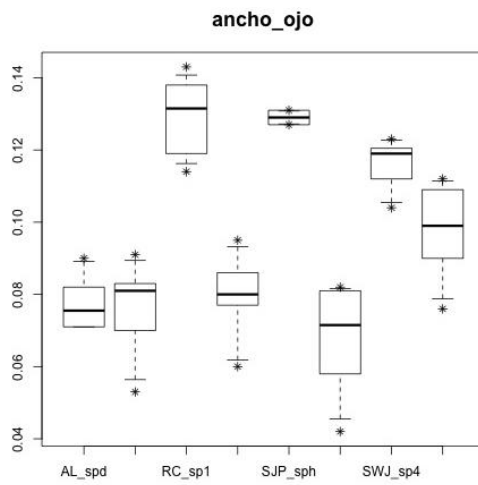
**FIGURA 71.** Boxplot de la variable morfológica “ancho de la fosa interantenal” para *Bicellonycha*



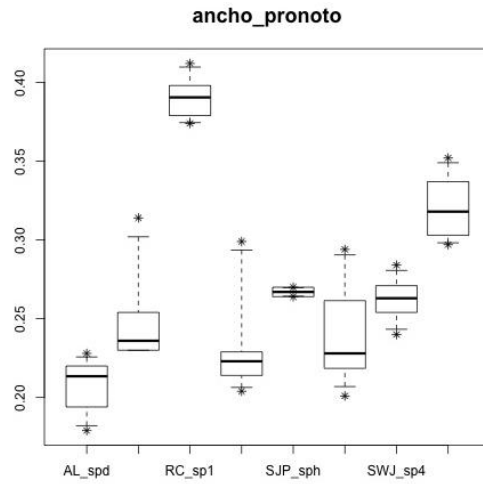
**FIGURA 72.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho interantenal” para *Bicellonycha*



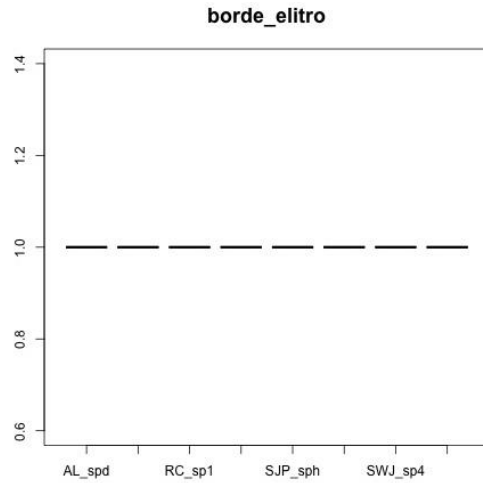
**FIGURA 73.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho interocular” para *Bicellonycha*



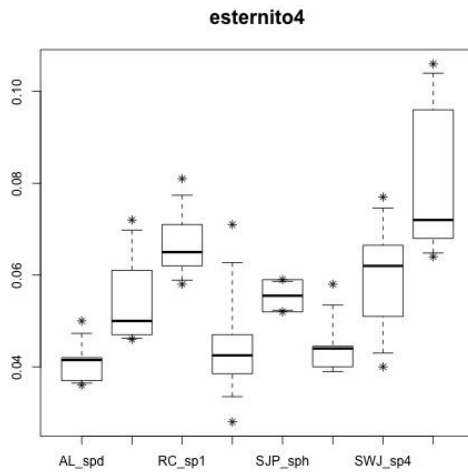
**FIGURA 74.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho del ojo” para *Bicellonycha*



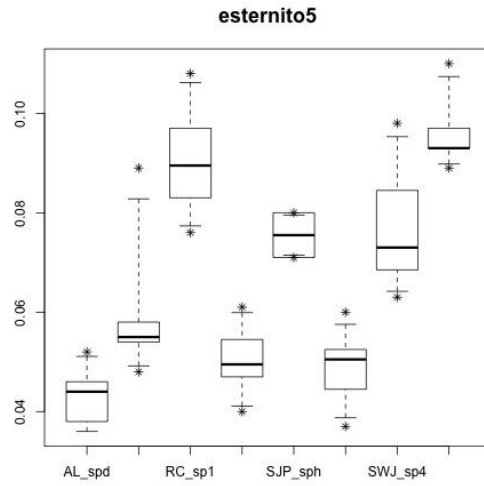
**FIGURA 75.** Boxplot de la variable morfológica “ancho del pronoto” para *Bicellonycha*



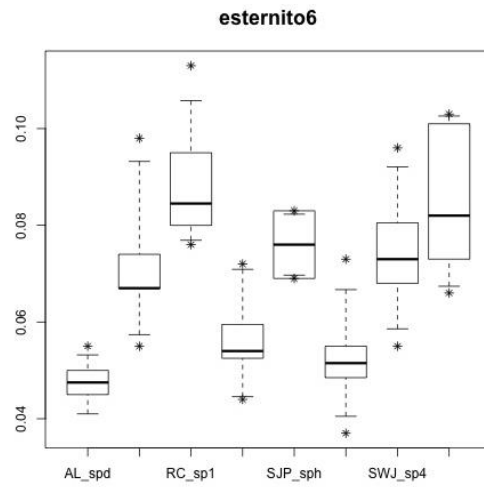
**FIGURA 76.** Boxplot de la variable morfológica “borde del élitro” para *Bicellonycha*



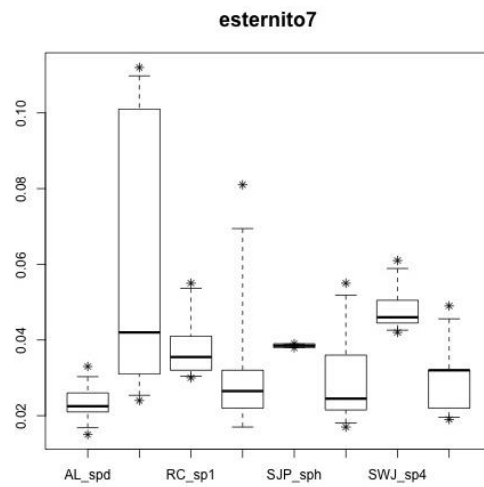
**FIGURA 77.** Boxplot de la variable morfológica “esternito 4” para *Bicellonycha*



**FIGURA 78.** Boxplot de la variable morfométrica “esternito 5” para *Bicellonycha*



**FIGURA 79.** Boxplot de la variable morfométrica “esternito 6” para *Bicellonycha*



**FIGURA 80.** Boxplot de la variable morfométrica “esternito 7” para *Bicellonycha*

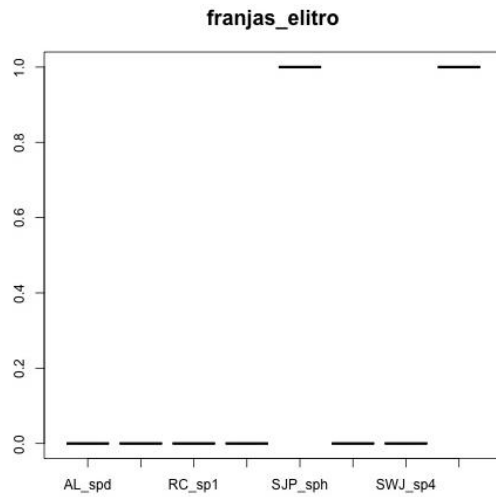


FIGURA 81. Boxplot de la variable morfológica “franja del élitro” para *Bicellonycha*

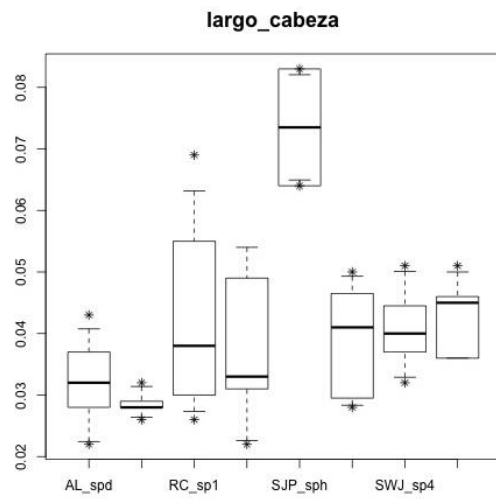


FIGURA 82. Boxplot de la variable morfológica “largo de cabeza” para *Bicellonycha*

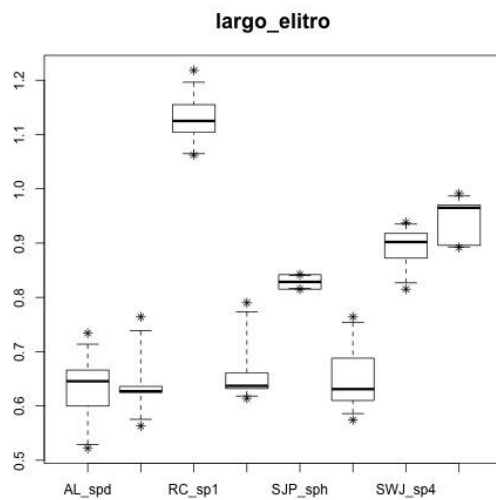
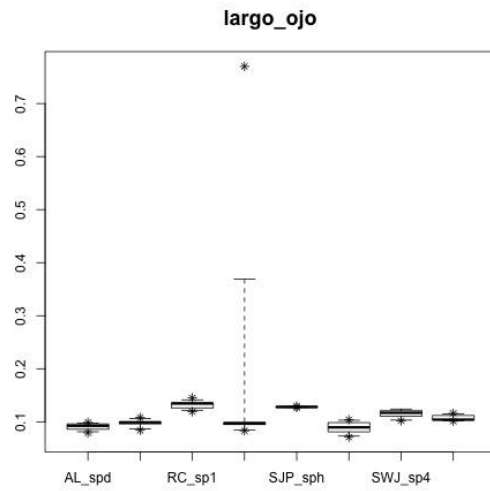
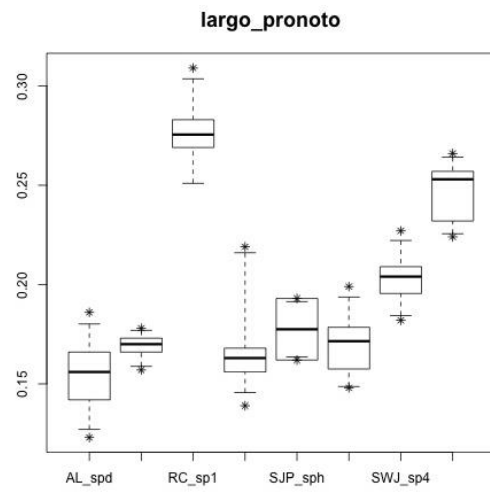


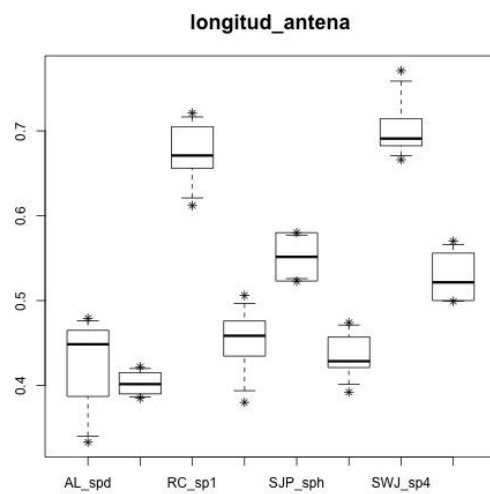
FIGURA 83. Boxplot de la variable morfológica “largo del élitro” para *Bicellonycha*



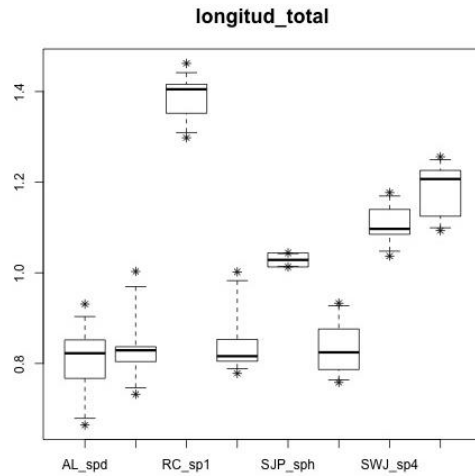
**FIGURA 84.** Boxplot de la variable morfométrica “largo del ojo” para *Bicellonycha*



**FIGURA 85.** Boxplot de la variable morfométrica “largo del pronoto” para *Bicellonycha*



**FIGURA 86.** Boxplot de la variable morfométrica “longitud de antena” para *Bicellonycha*



**FIGURA 87.** Boxplot de la variable morfológica “longitud total” para *Bicellonycha*

**CUADRO 8.** Resultados de la prueba de normalidad Shapiro-Wilk para las variables morfológicas de *Bicellonycha*

| Variable                | W       | Valor p   |
|-------------------------|---------|-----------|
| longitud_total          | 0.88697 | 7.861e-05 |
| ancho_cabeza            | 0.86534 | 1.625e-05 |
| largo_cabeza            | 0.92354 | 0.001641  |
| ancho_pronoto           | 0.87572 | 3.402e-05 |
| largo_pronoto           | 0.90812 | 0.0004273 |
| ancho_interantenal      | 0.90366 | 0.000295  |
| longitud_antena         | 0.90015 | 0.0002215 |
| ancho_fosa_interantenal | 0.91621 | 0.0008542 |
| ancho_interocular       | 0.91597 | 0.0008366 |
| ancho_ojo               | 0.94337 | 0.01085   |
| largo_ojo               | 0.26076 | 2.84e-15  |
| largo_elitro            | 0.88450 | 6.521e-05 |
| ancho_elitro            | 0.88891 | 9.122e-05 |
| franjass_elitro         | 0.35700 | 2.92e-14  |
| esternito4              | 0.92013 | 0.001208  |
| esternito5              | 0.91449 | 0.0007359 |
| esternito6              | 0.94433 | 0.01194   |
| esternito7              | 0.81091 | 5.198e-07 |

| ID    | Population | Taxon   | longitud_total | ancho_cabeza | largo_cabeza | ancho_pronoto | largo_pronoto | ancho_interantenal | longitud_antena | ancho_fosa_interantenal | ancho_interocular | ancho_ ojo | largo_ ojo | largo_ elitro | ancho_ elitro | borde_ elitro | franjas_ elitro | esternito4 | esternito5 | esternito6 | esternito7 |       |
|-------|------------|---------|----------------|--------------|--------------|---------------|---------------|--------------------|-----------------|-------------------------|-------------------|------------|------------|---------------|---------------|---------------|-----------------|------------|------------|------------|------------|-------|
| EC34  | EC         | EC_spm  | 1.256          | 0.201        | 0.049        | 0.258         | 0.205         | 0.005              | 0.712           | 0.006                   | 0.048             | 0.118      | 0.113      | 1.025         | 0.151         | 0             | 0               | 0          | 0.968      | 0.983      | 0.975      | 0.944 |
| EC35  | EC         | EC_spm  | 1.252          | 0.209        | 0.045        | 0.275         | 0.202         | 0.006              | 0.866           | 0.006                   | 0.066             | 0.129      | 0.122      | 1.035         | 0.161         | 0             | 0               | 0          | 0.973      | 0.981      | 0.983      | 0.945 |
| EC36  | EC         | EC_spm  | 1.317          | 0.217        | 0.045        | 0.289         | 0.207         | 0.005              | 0.873           | 0.006                   | 0.056             | 0.135      | 0.127      | 1.087         | 0.168         | 0             | 0               | 0          | 0.978      | 0.978      | 0.976      | 0.94  |
| EC37  | EC         | EC_spm  | 1.292          | 0.213        | 0.06         | 0.284         | 0.212         | 0.006              | 0.918           | 0.007                   | 0.055             | 0.129      | 0.126      | 1.088         | 0.172         | 0             | 0               | 0          | 0.964      | 0.974      | 0.987      | 0.942 |
| EC38  | EC         | EC_spm  | 1.279          | 0.214        | 0.043        | 0.27          | 0.195         | 0.004              | 0.8             | 0.005                   | 0.058             | 0.116      | 0.121      | 1.062         | 0.162         | 0             | 0               | 0          | 0.971      | 0.976      | 0.975      | 0.942 |
| EC39  | EC         | EC_spm  | 1.246          | 0.21         | 0.044        | 0.279         | 0.191         | 0.004              | 0.793           | 0.006                   | 0.059             | 0.12       | 0.121      | 1.042         | 0.17          | 0             | 0               | 0          | 0.978      | 0.974      | 0.973      | 0.939 |
| EC40  | EC         | EC_spm  | 1.225          | 0.205        | 0.039        | 0.283         | 0.193         | 0.004              | 0.854           | 0.004                   | 0.056             | 0.124      | 0.119      | 1.02          | 0.16          | 0             | 0               | 0          | 0.964      | 0.975      | 0.973      | 0.938 |
| EC41  | EC         | EC_spm  | 1.25           | 0.225        | 0.052        | 0.281         | 0.23          | 0.006              | 0.864           | 0.006                   | 0.061             | 0.124      | 0.13       | 1.048         | 0.168         | 0             | 0               | 0          | 0.96       | 0.974      | 0.992      | 0.938 |
| EC42  | EC         | EC_spm  | 1.276          | 0.216        | 0.048        | 0.275         | 0.199         | 0.004              | 0.813           | 0.006                   | 0.052             | 0.121      | 0.127      | 1.057         | 0.159         | 0             | 0               | 0          | 0.97       | 0.965      | 0.99       | 0.95  |
| EC43  | EC         | EC_spm  | 1.273          | 0.218        | 0.053        | 0.291         | 0.182         | 0.005              | 0.874           | 0.005                   | 0.059             | 0.126      | 0.128      | 1.066         | 0.169         | 0             | 0               | 0          | 0.971      | 0.974      | 0.973      | 0.956 |
| EC44  | EC         | EC_spm  | 1.196          | 0.213        | 0.043        | 0.273         | 0.184         | 0.006              | 0.855           | 0.006                   | 0.049             | 0.116      | 0.12       | 0.996         | 0.159         | 0             | 0               | 0          | 0.969      | 0.975      | 0.973      | 0.945 |
| EC46  | EC         | EC_spg  | 1.269          | 0.23         | 0.072        | 0.341         | 0.262         | 0.005              | 0.783           | 0.006                   | 0.059             | 0.131      | 0.249      | 1.031         | 0.185         | 1             | 1               | 1          | 0.973      | 0.991      | 0.972      | 0.951 |
| EC47  | EC         | EC_spg  | 1.367          | 0.222        | 0.048        | 0.351         | 0.264         | 0.008              | 0.733           | 0.009                   | 0.068             | 0.115      | 0.111      | 1.099         | 0.188         | 1             | 1               | 1          | 0.986      | 0.974      | 0.988      | 0.981 |
| SJP1  | SJP        | SJP_spg | 1.273          | 0.214        | 0.027        | 0.316         | 0.21          | 0.009              | 0.628           | 0.006                   | 0.065             | 0.114      | 0.108      | 1.046         | 0.181         | 1             | 1               | 1          | 0.98       | 0.983      | 0.989      | 0.984 |
| SJP2  | SJP        | SJP_spg | 1.333          | 0.245        | 0.041        | 0.325         | 0.256         | 0.008              | 0.813           | 0.007                   | 0.06              | 0.133      | 0.133      | 1.063         | 0.179         | 1             | 1               | 1          | 0.975      | 0.917      | 0.917      | 0.94  |
| SJP3  | SJP        | SJP_spg | 1.351          | 0.235        | 0.031        | 0.332         | 0.226         | 0.009              | 0.845           | 0.006                   | 0.066             | 0.144      | 0.139      | 1.106         | 0.194         | 1             | 1               | 1          | 0.979      | 0.915      | 0.952      | 0.978 |
| SJP4  | SJP        | SJP_spg | 1.246          | 0.201        | 0.051        | 0.331         | 0.232         | 0.011              | 0.619           | 0.007                   | 0.06              | 0.101      | 0.103      | 1.004         | 0.197         | 1             | 1               | 1          | 0.977      | 0.988      | 0.933      | 0.94  |
| SJP5  | SJP        | SJP_spg | 1.194          | 0.215        | 0.038        | 0.286         | 0.189         | 0.005              | 0.75            | 0.005                   | 0.052             | 0.119      | 0.117      | 0.98          | 0.166         | 1             | 1               | 1          | 0.981      | 0.968      | 0.986      | 0.956 |
| SJP6  | SJP        | SJP_spg | 1.255          | 0.222        | 0.063        | 0.311         | 0.238         | 0.012              | 0.707           | 0.005                   | 0.061             | 0.124      | 0.124      | 1.05          | 0.177         | 1             | 1               | 1          | 0.965      | 0.932      | 0.988      | 0.962 |
| SJP7  | SJP        | SJP_spg | 1.23           | 0.229        | 0.064        | 0.311         | 0.247         | 0.01               | 0.713           | 0.006                   | 0.059             | 0.133      | 0.125      | 0.985         | 0.177         | 1             | 1               | 1          | 0.965      | 0.932      | 0.988      | 0.962 |
| SJP8  | SJP        | SJP_spg | 1.198          | 0.236        | 0.047        | 0.301         | 0.225         | 0.009              | 0.696           | 0.006                   | 0.054             | 0.135      | 0.131      | 0.991         | 0.177         | 1             | 1               | 1          | 0.943      | 0.977      | 0.985      | 0.95  |
| SJP9  | SJP        | SJP_spg | 1.191          | 0.208        | 0.039        | 0.301         | 0.221         | 0.008              | 0.636           | 0.007                   | 0.065             | 0.101      | 0.102      | 0.967         | 0.172         | 1             | 1               | 1          | 0.957      | 0.966      | 0.962      | 0.963 |
| SJP33 | SJP        | SJP_spg | 1.32           | 0.223        | 0.034        | 0.334         | 0.247         | 0.01               | 0.832           | 0.007                   | 0.069             | 0.119      | 0.107      | 1.07          | 0.192         | 1             | 1               | 1          | 0.97       | 0.969      | 0.97       | 0.971 |
| SWJ26 | SWJ        | SWJ_spg | 1.457          | 0.252        | 0.073        | 0.39          | 0.294         | 0.009              | 0.734           | 0.007                   | 0.067             | 0.123      | 0.126      | 1.114         | 0.208         | 1             | 2               | 2          | 0.961      | 0.97       | 0.991      | 0.934 |
| SWJ27 | SWJ        | SWJ_spg | 1.464          | 0.274        | 0.047        | 0.41          | 0.329         | 0.007              | 0.972           | 0.008                   | 0.071             | 0.16       | 0.161      | 1.107         | 0.219         | 1             | 2               | 2          | 0.964      | 0.922      | 0.989      | 0.964 |
| SWJ28 | SWJ        | SWJ_spg | 1.371          | 0.256        | 0.07         | 0.398         | 0.296         | 0.012              | 0.82            | 0.005                   | 0.081             | 0.126      | 0.123      | 1.087         | 0.238         | 1             | 2               | 2          | 0.966      | 0.988      | 0.99       | 0.921 |
| SWJ29 | SWJ        | SWJ_spg | 1.507          | 0.26         | 0.075        | 0.42          | 0.323         | 0.012              | 0.801           | 0.009                   | 0.077             | 0.133      | 0.137      | 1.187         | 0.237         | 1             | 2               | 2          | 0.97       | 0.967      | 0.966      | 0.924 |
| SWJ32 | SWJ        | SWJ_spb | 1.391          | 0.251        | 0.065        | 0.395         | 0.296         | 0.016              | 0.821           | 0.007                   | 0.077             | 0.122      | 0.133      | 1.124         | 0.233         | 1             | 1               | 1          | 0.959      | 0.963      | 0.96       | 0.912 |
| SWJ33 | SWJ        | SWJ_spb | 1.428          | 0.25         | 0.078        | 0.393         | 0.291         | 0.01               | 0.779           | 0.009                   | 0.075             | 0.117      | 0.119      | 1.181         | 0.241         | 1             | 1               | 1          | 0.978      | 0.91       | 0.989      | 0.932 |

FIGURA 88. Base de datos utilizada para el análisis morfométrico de *Photuris*

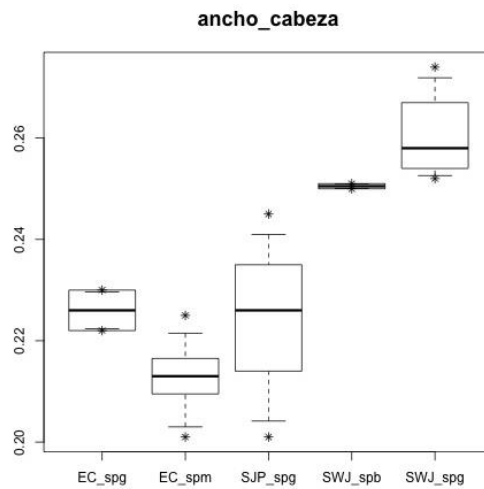


FIGURA 89. Boxplot de la variable morfométrica “ancho de cabeza” para *Photuris*

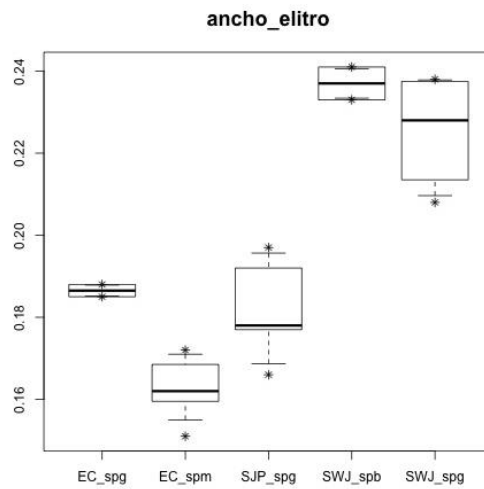
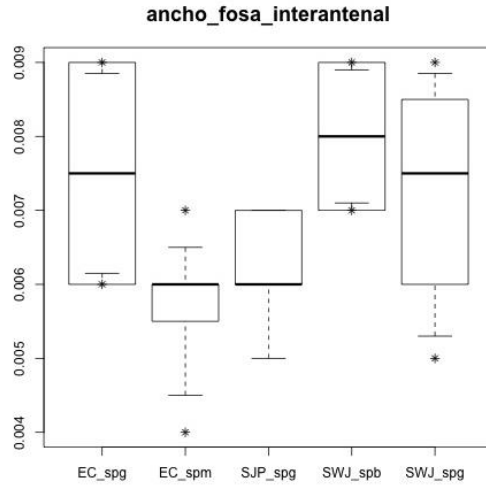
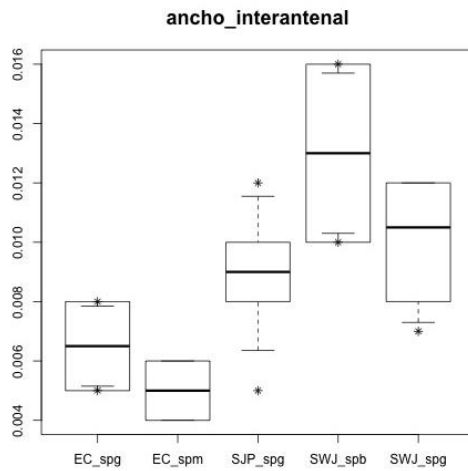


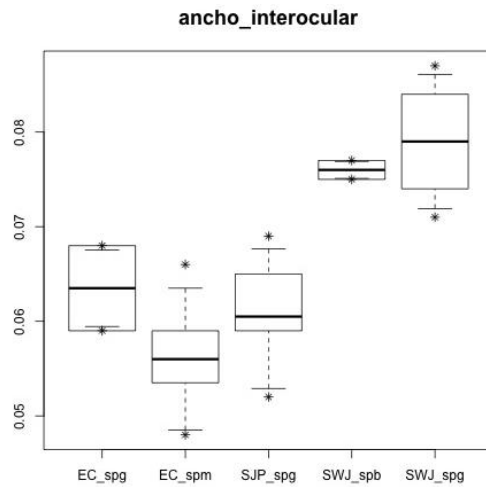
FIGURA 90. Boxplot de la variable morfométrica “ancho del élitro” para *Photuris*



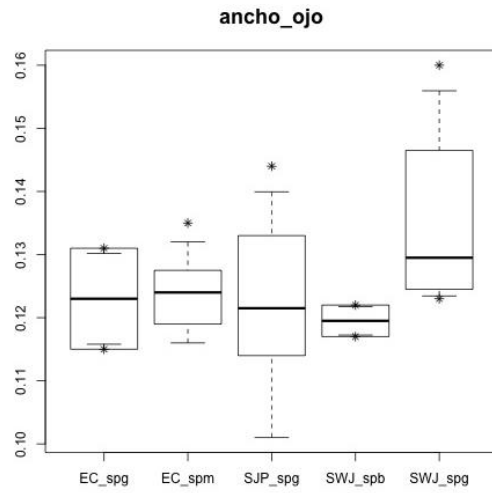
**FIGURA 91.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho de la fosa interantenal” para *Photuris*



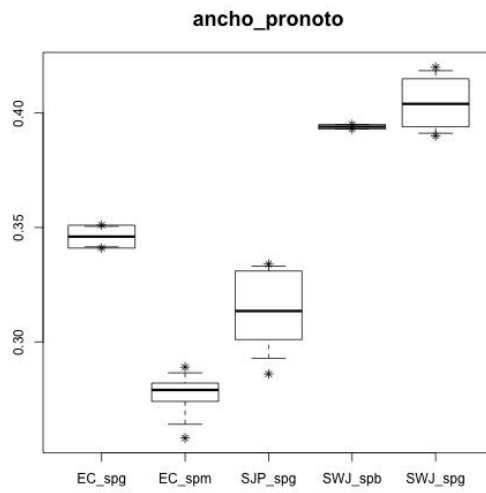
**FIGURA 92.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho interantenal” para *Photuris*



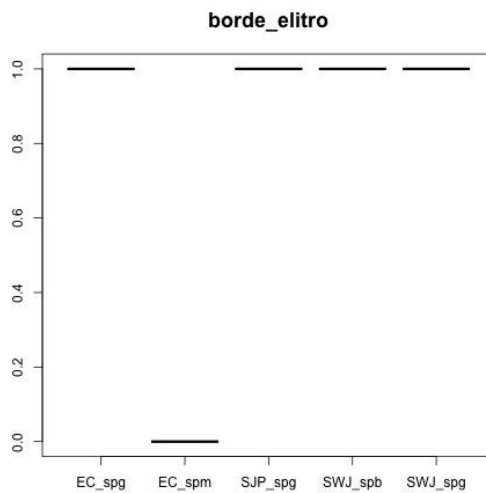
**FIGURA 93.** Boxplot de la variable morfométrica “ancho interocular” para *Photuris*



**FIGURA 94.** Boxplot de la variable morfológica “ancho del ojo” para *Photuris*



**FIGURA 95.** Boxplot de la variable morfológica “ancho del pronoto” para *Photuris*



**FIGURA 96.** Boxplot de la variable morfológica “borde del élitro” para *Photuris*

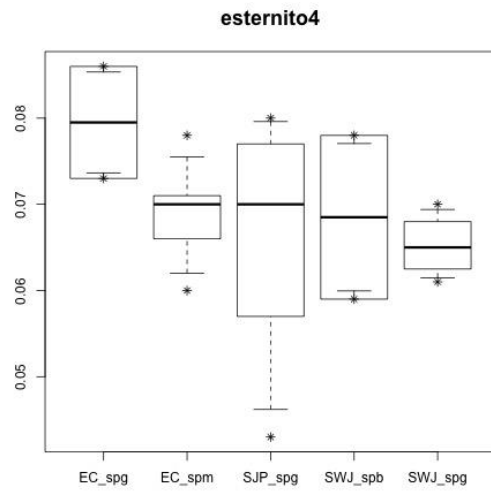


FIGURA 97. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 4” para *Photuris*

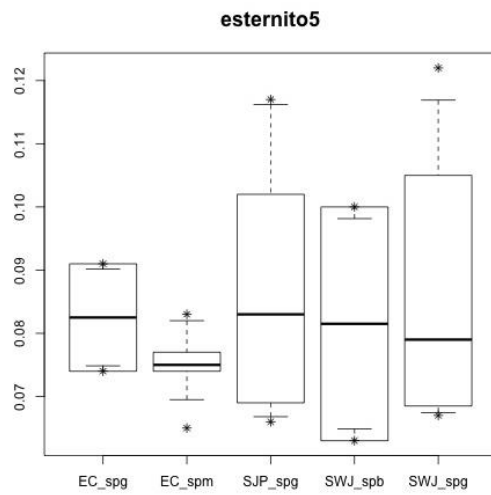


FIGURA 98. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 5” para *Photuris*

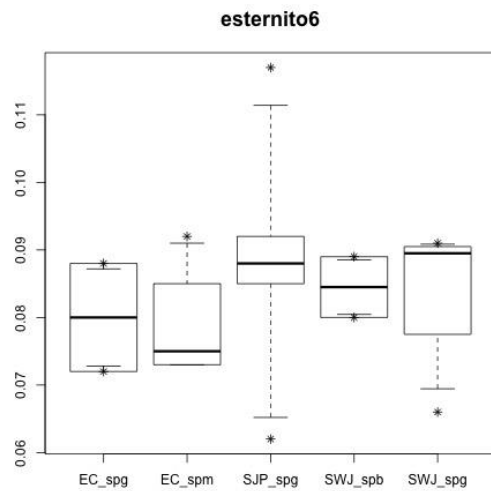
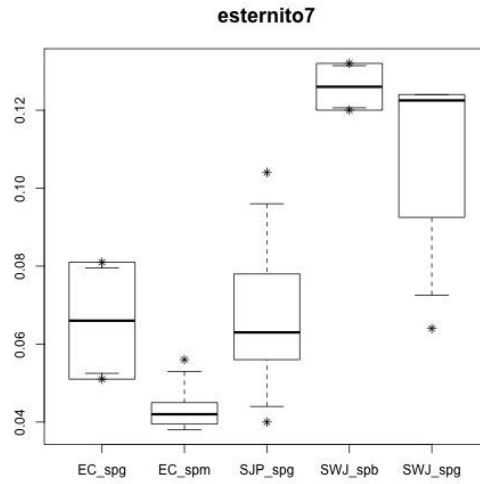
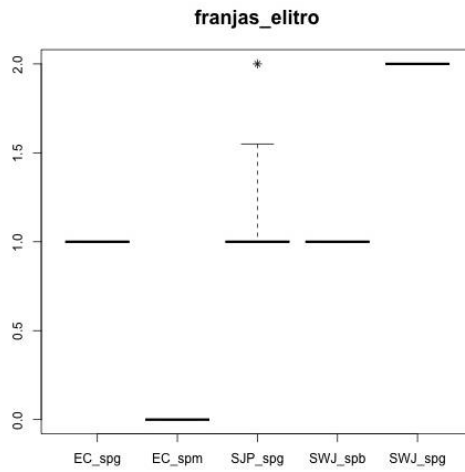


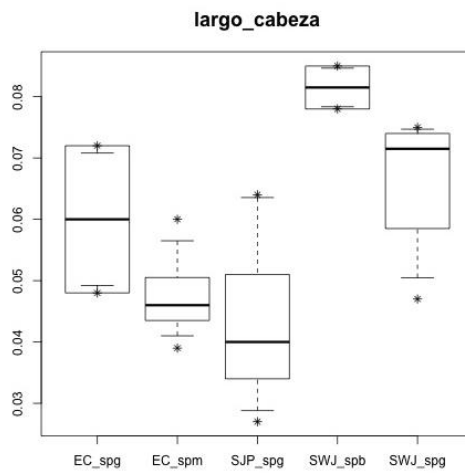
FIGURA 99. Boxplot de la variable morfométrica “esternito 6” para *Photuris*



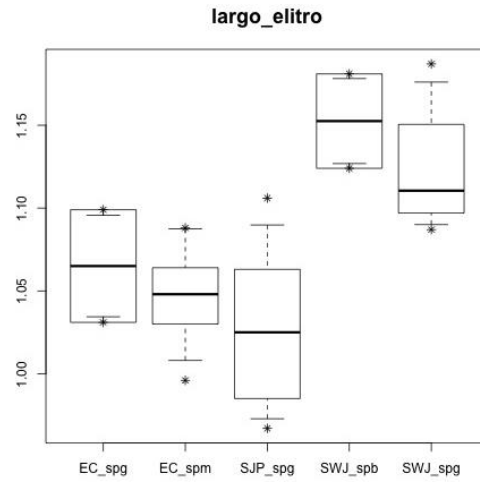
**FIGURA 100.** Boxplot de la variable morfométrica “esternito 7” para *Photuris*



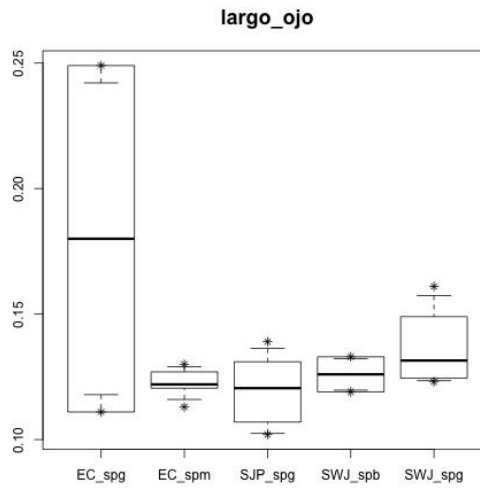
**FIGURA 101.** Boxplot de la variable morfométrica “franjas del élitro” para *Photuris*



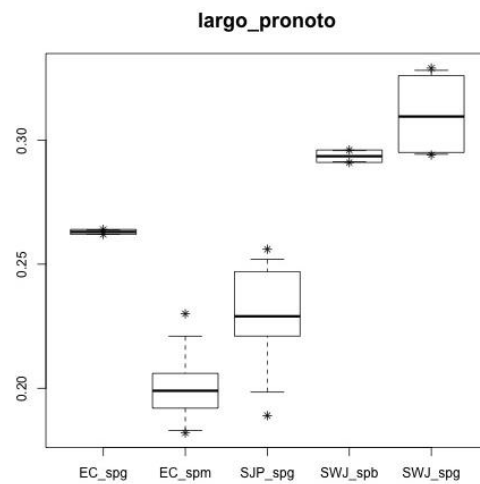
**FIGURA 102.** Boxplot de la variable morfométrica “largo de cabeza” para *Photuris*



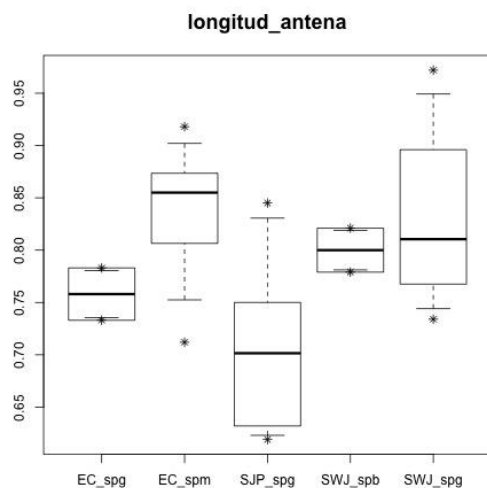
**FIGURA 103.** Boxplot de la variable morfológica “largo del élitro” para *Photuris*



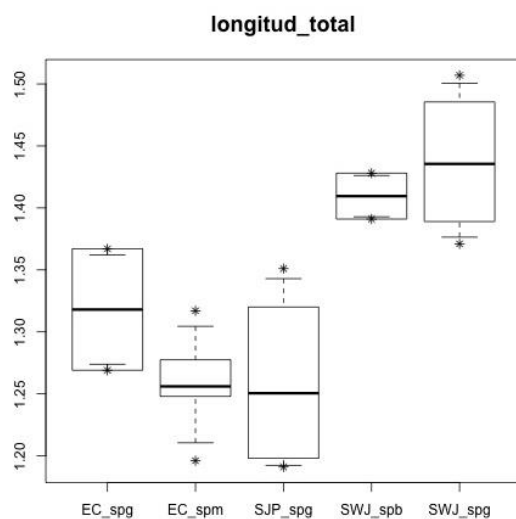
**FIGURA 104.** Boxplot de la variable morfológica “largo del ojo” para *Photuris*



**FIGURA 105.** Boxplot de la variable morfológica “largo del pronoto” para *Photuris*



**FIGURA 106.** Boxplot de la variable morfométrica “longitud de antena” para *Photuris*

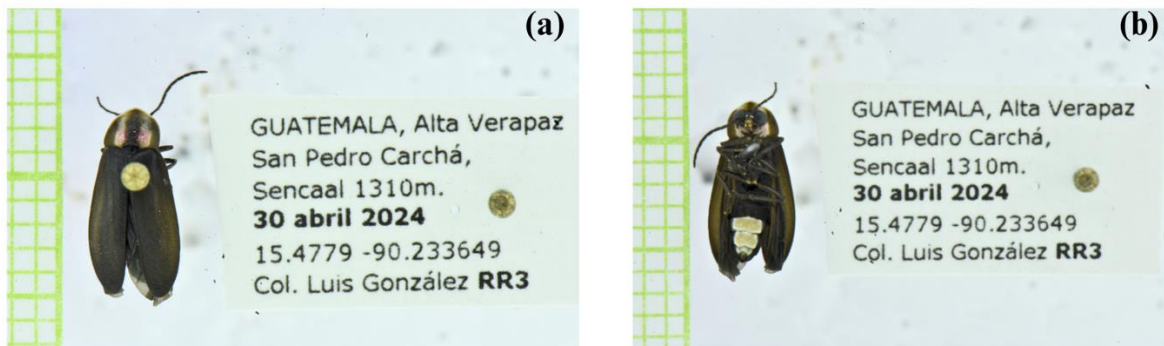


**FIGURA 107.** Boxplot de la variable morfométrica “longitud total” para *Photuris*

**CUADRO 9.** Resultados de la prueba de normalidad Shapiro-Wilk para las variables morfométricas de *Photuris*

| Variable                | W       | Valor p  |
|-------------------------|---------|----------|
| longitud_total          | 0.92762 | 0.05372  |
| ancho_cabeza            | 0.93276 | 0.07238  |
| largo_cabeza            | 0.94573 | 0.1546   |
| ancho_pronoto           | 0.89224 | 0.007566 |
| largo_pronoto           | 0.92410 | 0.04384  |
| ancho_interantenal      | 0.93086 | 0.06481  |
| longitud_antena         | 0.96234 | 0.3955   |
| ancho_fosa_interantenal | 0.89046 | 0.006888 |
| ancho_interocular       | 0.95233 | 0.2266   |
| ancho_ojo               | 0.94082 | 0.116    |

|                        |         |           |
|------------------------|---------|-----------|
| <b>largo_ojo</b>       | 0.59786 | 1.37e-07  |
| <b>largo_elitro</b>    | 0.96948 | 0.5666    |
| <b>ancho_elitro</b>    | 0.87208 | 0.002698  |
| <b>borde_elitro</b>    | 0.62170 | 2.656e-07 |
| <b>franjass_elitro</b> | 0.79658 | 9.295e-05 |
| <b>esternito4</b>      | 0.96712 | 0.5059    |
| <b>esternito5</b>      | 0.85098 | 0.0009783 |
| <b>esternito6</b>      | 0.93262 | 0.07182   |
| <b>esternito7</b>      | 0.82651 | 0.0003251 |



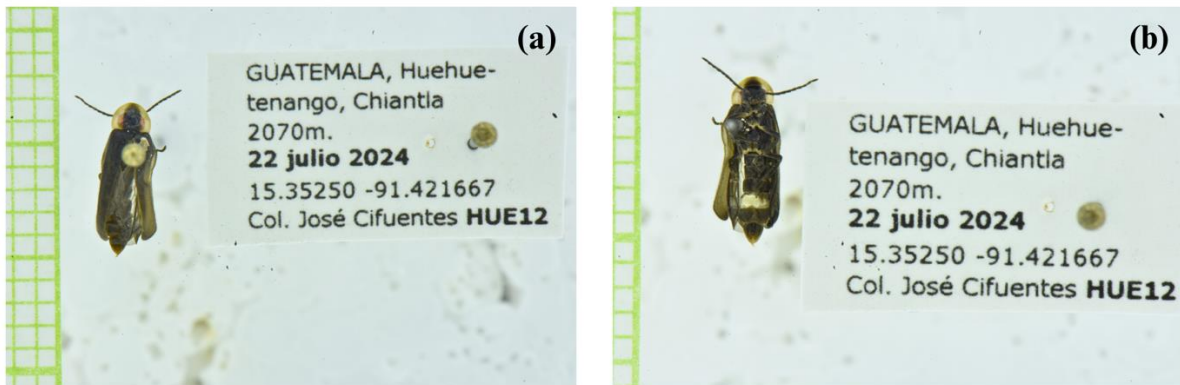
**FIGURA 108.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Photinus* sp. f



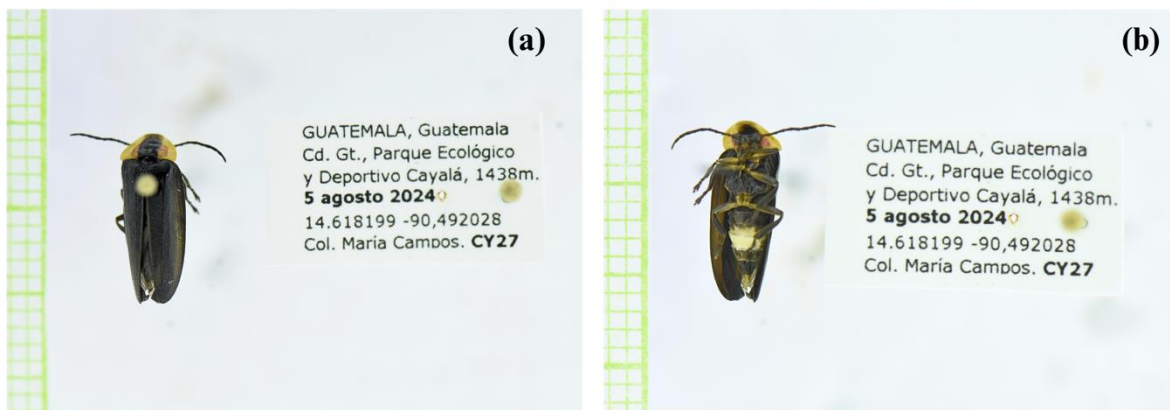
**FIGURA 109.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Photinus* sp. 1



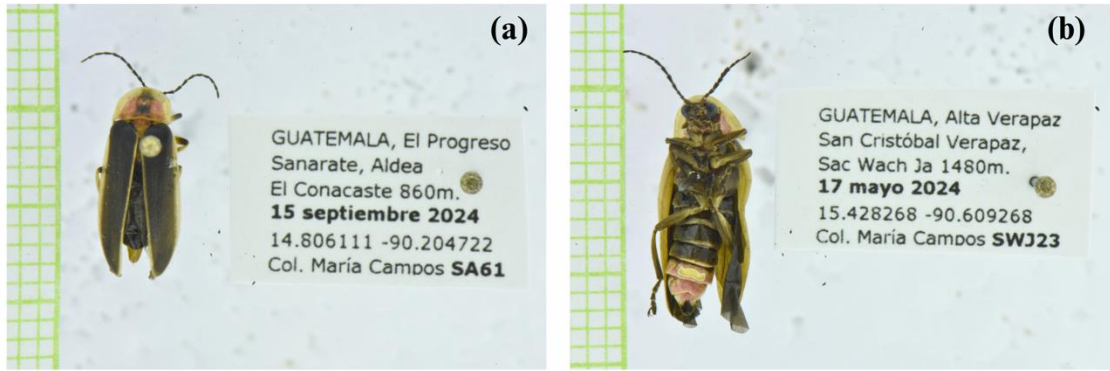
**FIGURA 110.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Photinus* sp. n



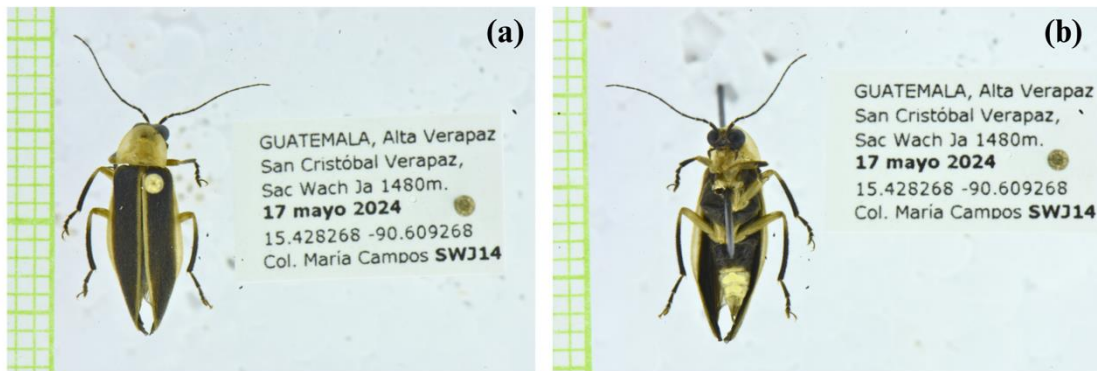
**FIGURA 111.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Photinus* sp. o



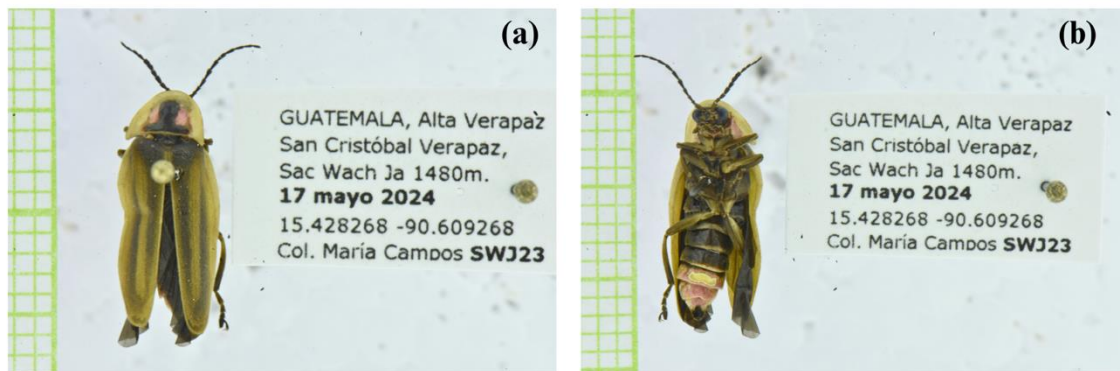
**FIGURA 112.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Photinus* sp. p



**FIGURA 113.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. d



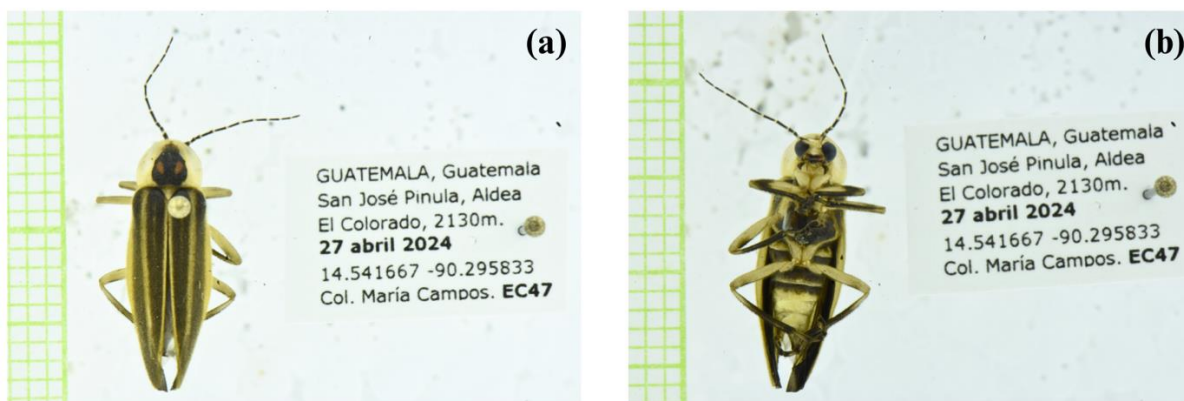
**FIGURA 114.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. j



**FIGURA 115.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Bicellonycha* sp. t



**FIGURA 116.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Photuris* sp. b



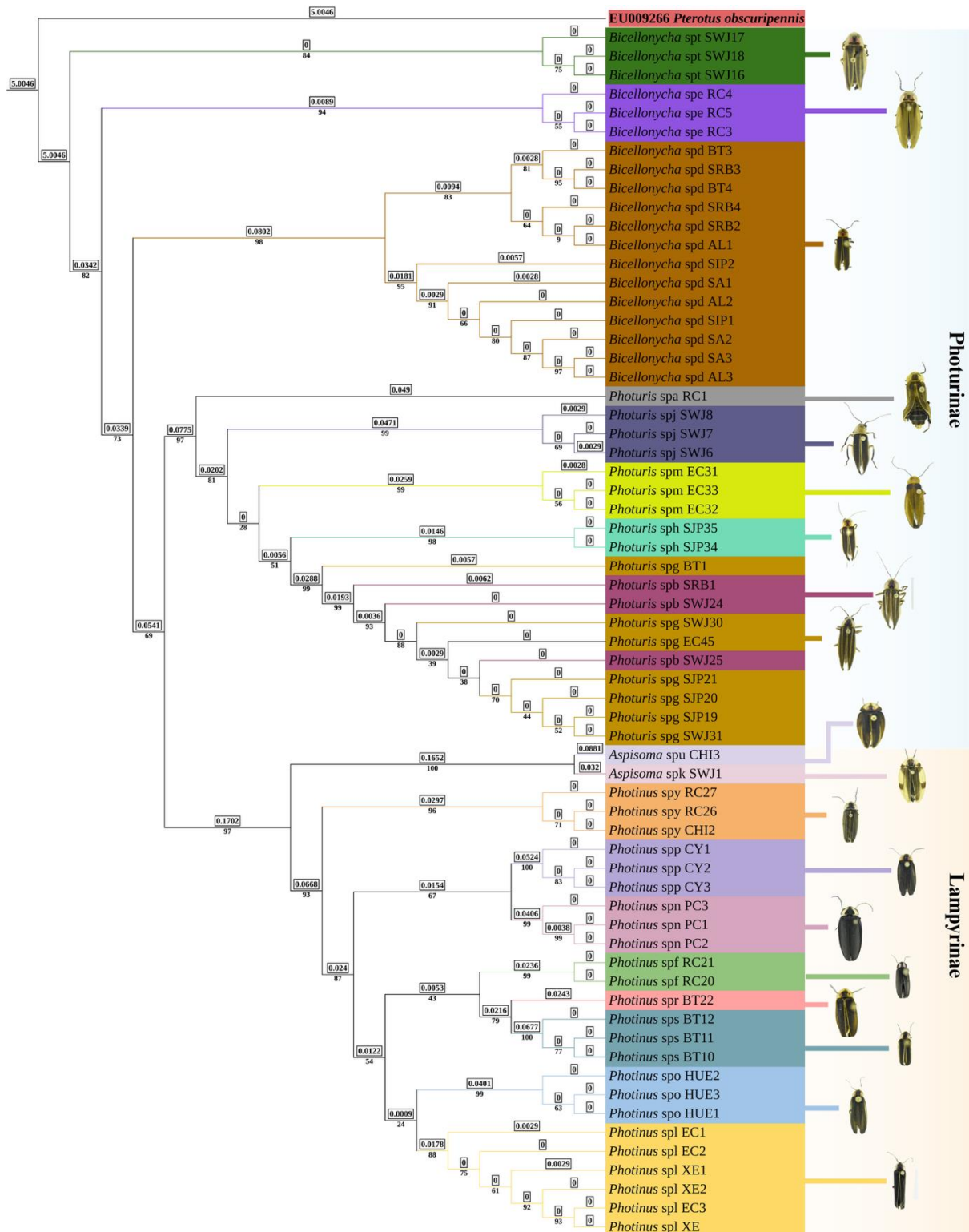
**FIGURA 117.** Morfología dorsal (a) y ventral (b) de una hembra de la morfoespecie *Photuris* sp. g

**CUADRO 10.** Cuantificación y comprobación de calidad de ADN de luciérnagas en espectrofotómetro de bajo volumen Nanodrop (Thermofisher)

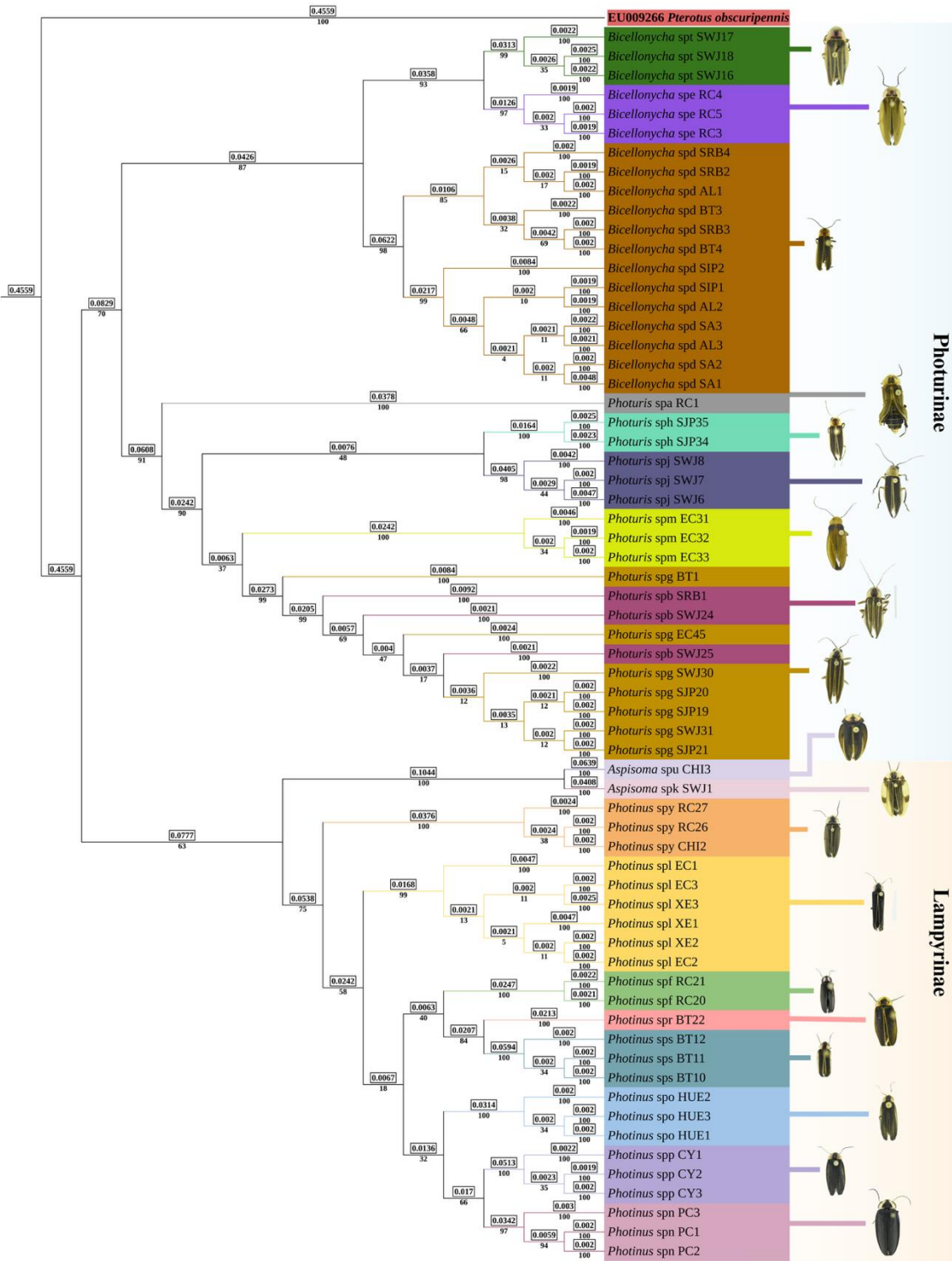
| Muestra | Cuantificación        |          |          |
|---------|-----------------------|----------|----------|
|         | Concentración (ng/uL) | A260/280 | A260/230 |
| AL1     | 135.8                 | 1.91     | 1.67     |
| AL2     | 93.5                  | 1.96     | 1.78     |
| AL3     | 24                    | 1.97     | 1.42     |
| BT1     | 126.4                 | 1.87     | 1.47     |
| BT3     | 30.9                  | 1.85     | 1.72     |
| BT4     | 2.5                   | 1.63     | 0.63     |
| BT10    | 100.3                 | 1.98     | 2.67     |
| BT11    | 50.4                  | 2.02     | 2.43     |
| BT12    | 30.8                  | 2.04     | 2.6      |
| BT22    | 4                     | 1.85     | 0.71     |

|              |        |      |       |
|--------------|--------|------|-------|
| <b>CHI2</b>  | 265.3  | 1.36 | 0.72  |
| <b>CHI3</b>  | 104.3  | 0.84 | 0.81  |
| <b>CY1</b>   | 145.9  | 1.82 | 1.4   |
| <b>CY2</b>   | 110.8  | 1.74 | 1.12  |
| <b>CY3</b>   | 146.6  | 1.83 | 1.46  |
| <b>EC1</b>   | 103.3  | 1.78 | 1.41  |
| <b>EC2</b>   | 20.8   | 1.66 | 1.06  |
| <b>EC3</b>   | 214.1  | 1.78 | 1.22  |
| <b>EC31</b>  | 2335.2 | 1.88 | 1.64  |
| <b>EC32</b>  | 868.7  | 1.82 | 1.19  |
| <b>EC33</b>  | 1925.8 | 1.87 | 1.44  |
| <b>EC45</b>  | 935.7  | 1.84 | 1.11  |
| <b>SJP19</b> | 298.2  | 1.89 | 1.93  |
| <b>SJP20</b> | 285    | 1.76 | 1.82  |
| <b>SJP21</b> | 252.9  | 1.87 | 1.63  |
| <b>SJP34</b> | 951.8  | 1.8  | 1.15  |
| <b>SJP35</b> | 77.7   | 1.84 | 2.15  |
| <b>HUE1</b>  | 82.3   | 2.13 | 2.53  |
| <b>HUE2</b>  | 21.4   | 2.34 | 5.8   |
| <b>HUE3</b>  | 20.2   | 2.39 | 11.46 |
| <b>PC1</b>   | 77.6   | 1.02 | 0.58  |
| <b>PC2</b>   | 24.8   | 0.76 | 0.62  |
| <b>PC3</b>   | 201.2  | 1.62 | 1.16  |
| <b>SWJ1</b>  | 225    | 1.57 | 0.88  |
| <b>SWJ6</b>  | 183.2  | 1.78 | 1.42  |
| <b>SWJ7</b>  | 116.4  | 1.94 | 2.38  |
| <b>SWJ8</b>  | 127.7  | 1.94 | 2.7   |
| <b>SWJ16</b> | 174.8  | 1.89 | 1.87  |
| <b>SWJ17</b> | 166.5  | 1.9  | 1.82  |
| <b>SWJ18</b> | 243.6  | 1.87 | 1.6   |
| <b>SWJ24</b> | 271.4  | 1.87 | 2.07  |
| <b>SWJ25</b> | 1353.9 | 1.92 | 1.7   |
| <b>SWJ30</b> | 108.9  | 1.87 | 1.62  |
| <b>SWJ31</b> | 11.9   | 1.83 | 1.46  |
| <b>RC1</b>   | 185.9  | 1.67 | 2.13  |
| <b>RC3</b>   | 745.6  | 1.76 | 1.19  |
| <b>RC4</b>   | 161.7  | 1.78 | 1.31  |
| <b>RC5</b>   | 1677.4 | 1.61 | 0.98  |
| <b>RC20</b>  | 89.4   | 1.78 | 1.5   |

|             |       |      |       |
|-------------|-------|------|-------|
| <b>RC21</b> | 77    | 1.82 | 1.37  |
| <b>RC26</b> | 339.4 | 1.29 | 0.75  |
| <b>RC27</b> | 75.9  | 1.71 | 1.61  |
| <b>SA1</b>  | 190.9 | 1.86 | 1.68  |
| <b>SA2</b>  | 105.9 | 1.99 | 2     |
| <b>SA3</b>  | 77.7  | 1.82 | 2.87  |
| <b>SIP1</b> | 4.4   | 1.4  | -0.23 |
| <b>SIP2</b> | 11.8  | 1.77 | 0.89  |
| <b>SRB1</b> | 498.3 | 1.64 | 0.91  |
| <b>SRB2</b> | 67.5  | 2.02 | 2.57  |
| <b>SRB3</b> | 60.8  | 2.03 | 2.41  |
| <b>SRB4</b> | 68.4  | 2.02 | 2.96  |
| <b>XE1</b>  | 43.4  | 0.7  | 0.68  |
| <b>XE2</b>  | 149.3 | 1.88 | 1.46  |
| <b>XE3</b>  | 156.5 | 0.65 | 0.5   |



**FIGURA 118.** Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones. El número superior a las ramas indica el largo de la rama y el número entre nodos indica los valores de soporte UF-Bootstrap



**FIGURA 119.** Árbol filogenético del gen 16S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones. El número superior a las ramas indica el largo de la rama y el número entre nodos indica el porcentaje de probabilidad posterior



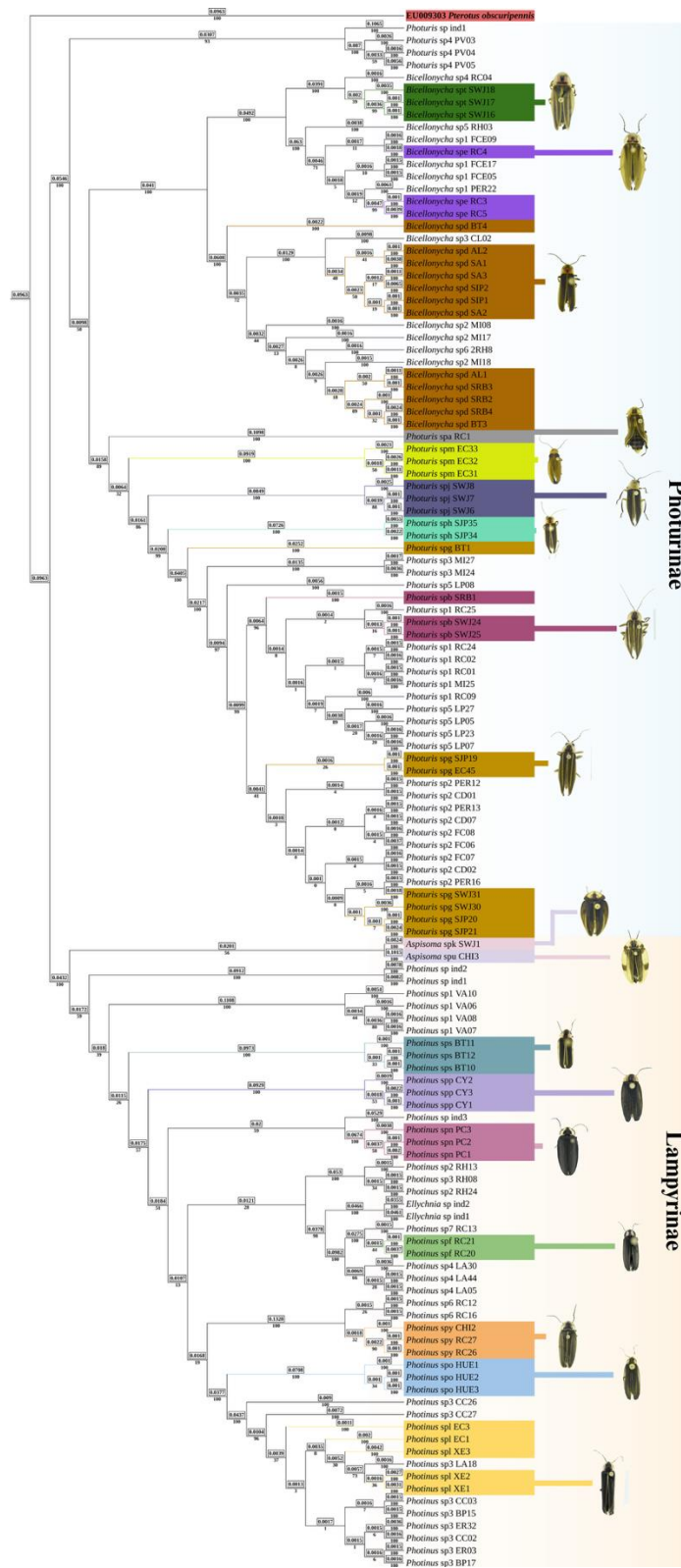


FIGURA 121. Árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones. El número superior a las ramas indica el largo de la rama y el número entre nodos indica el porcentaje de probabilidad posterior

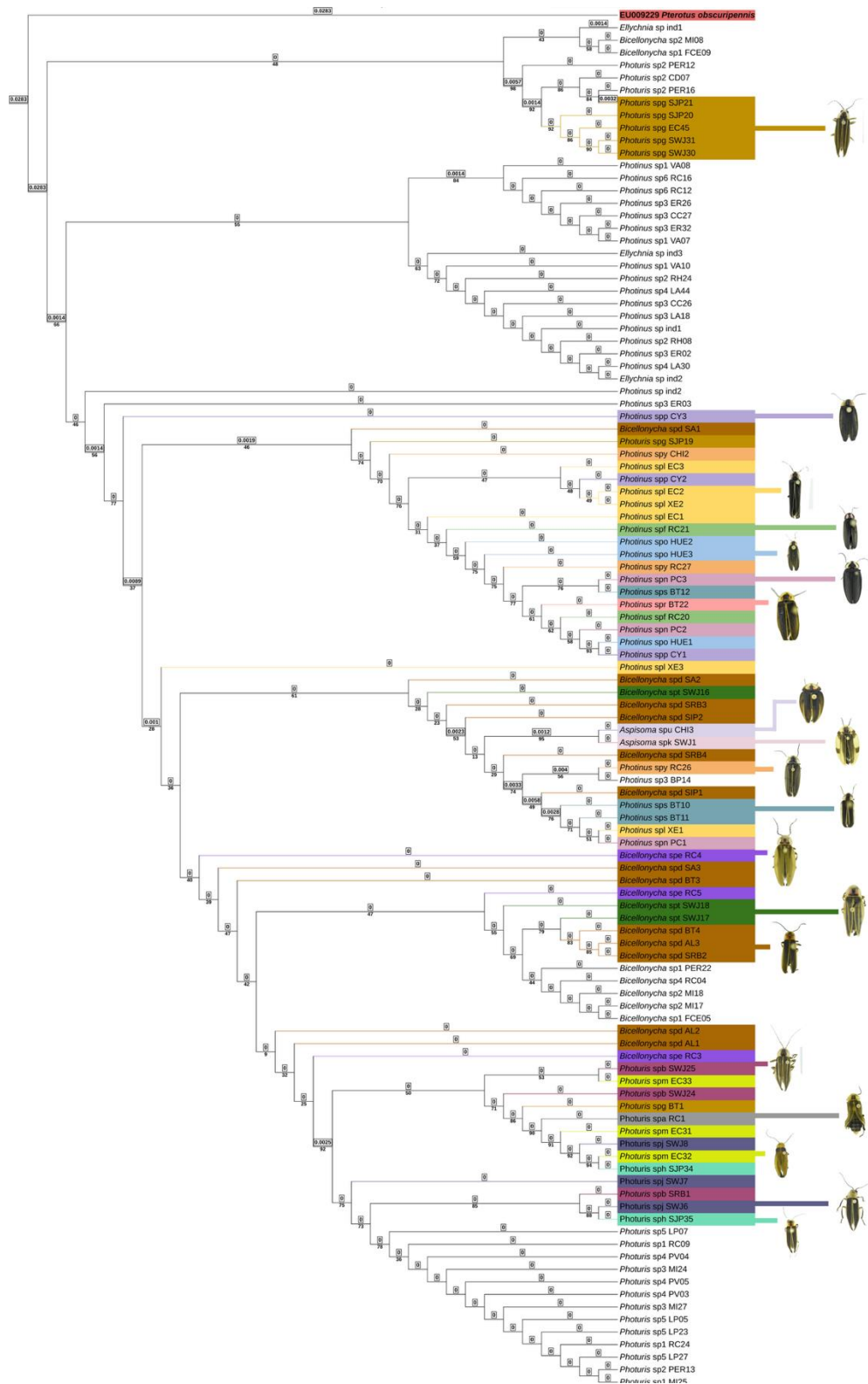


FIGURA 122. Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones. El número superior a las ramas indica el largo de la rama y el número entre nodos indica los valores de soporte UF-Bootstrap

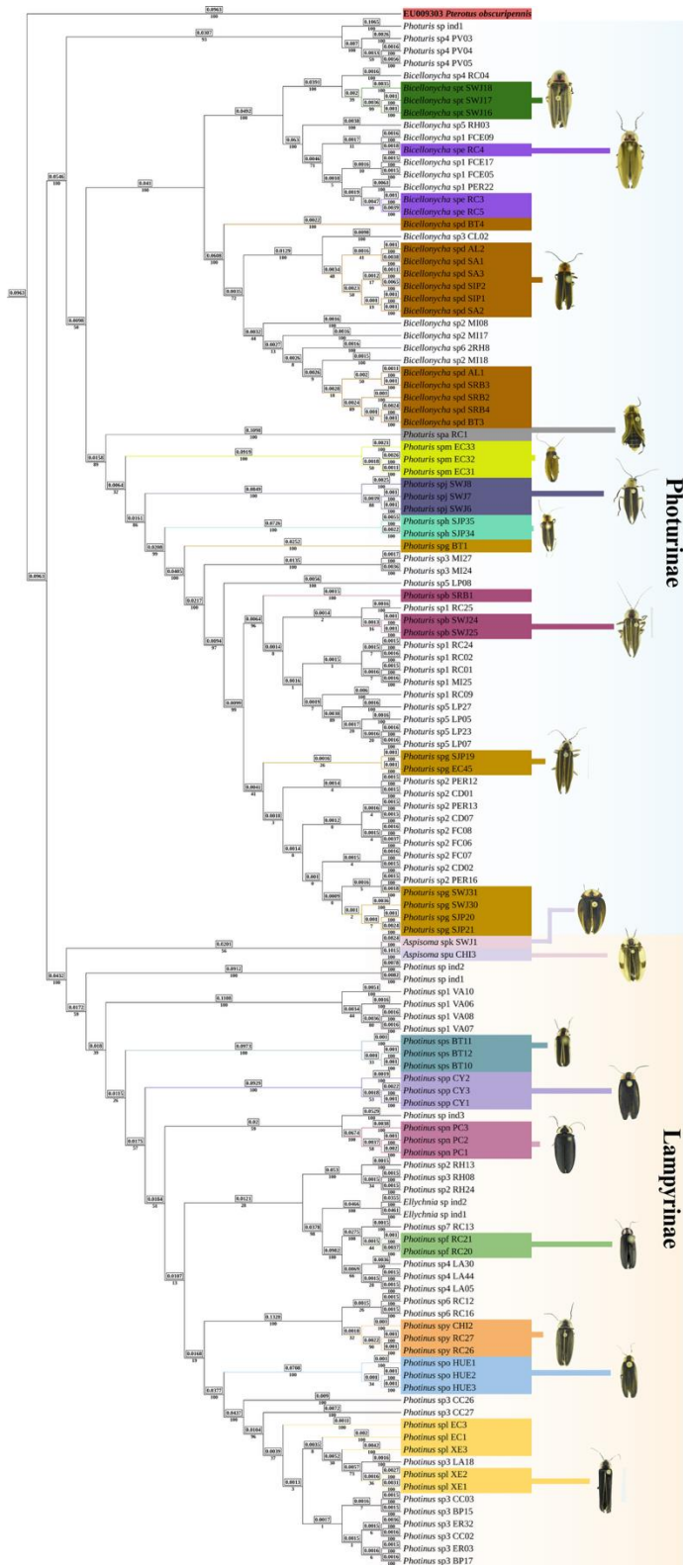


FIGURA 123. Árbol filogenético del gen 18S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones. El número superior a las ramas indica el largo de la rama y el número entre nodos indica el porcentaje de probabilidad posterior





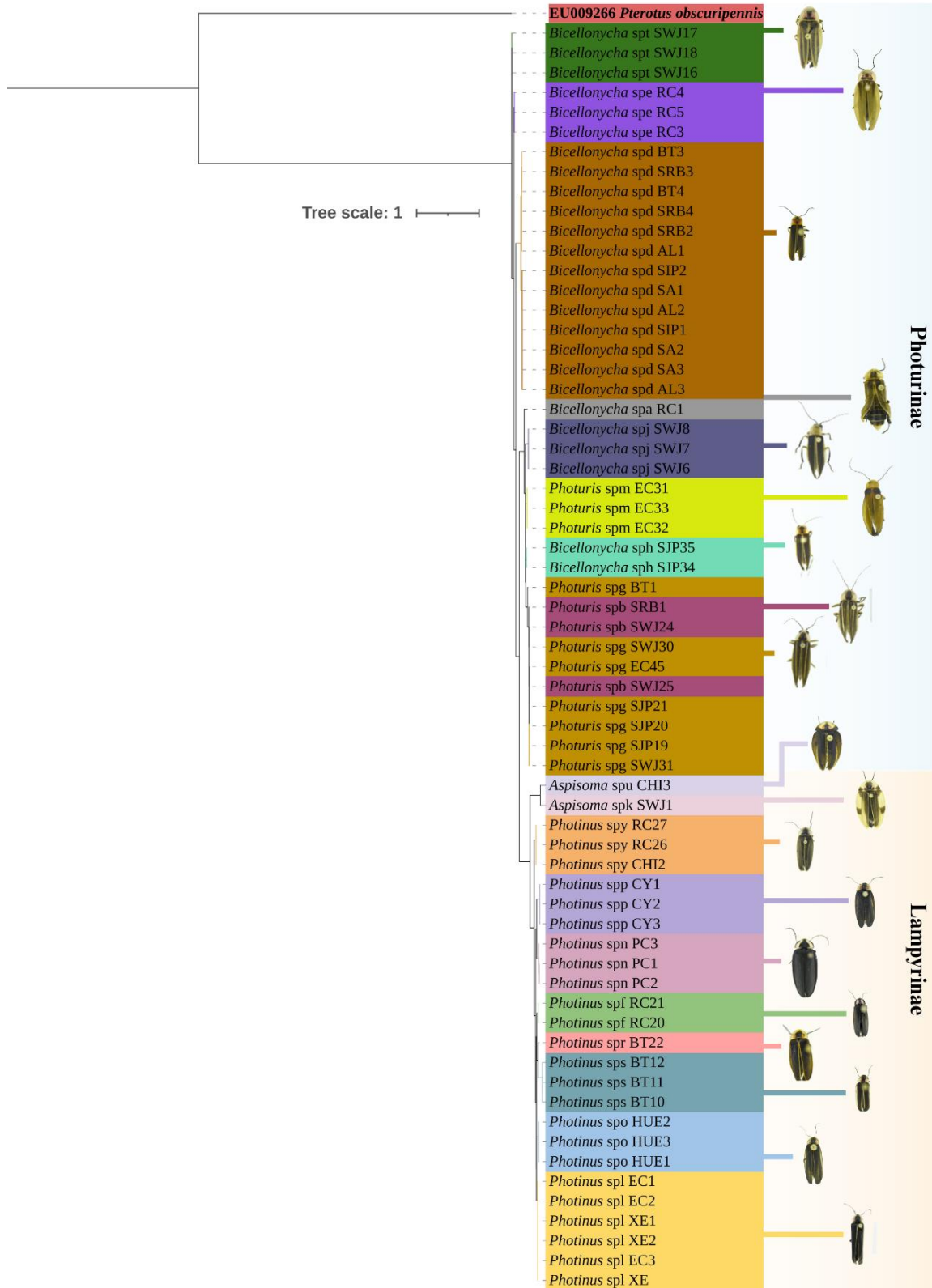


FIGURA 126. Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen 16S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones



FIGURA 127. Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen 16S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones

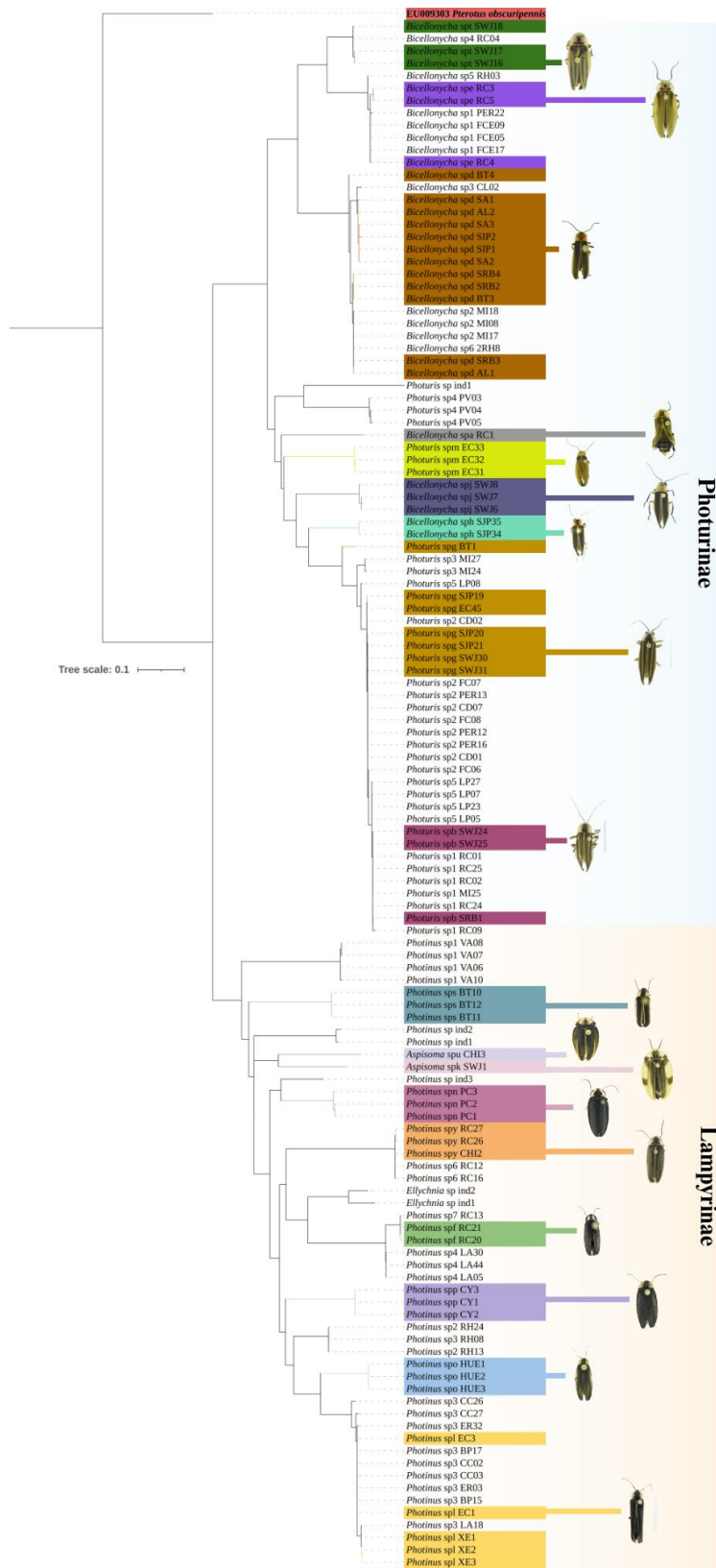
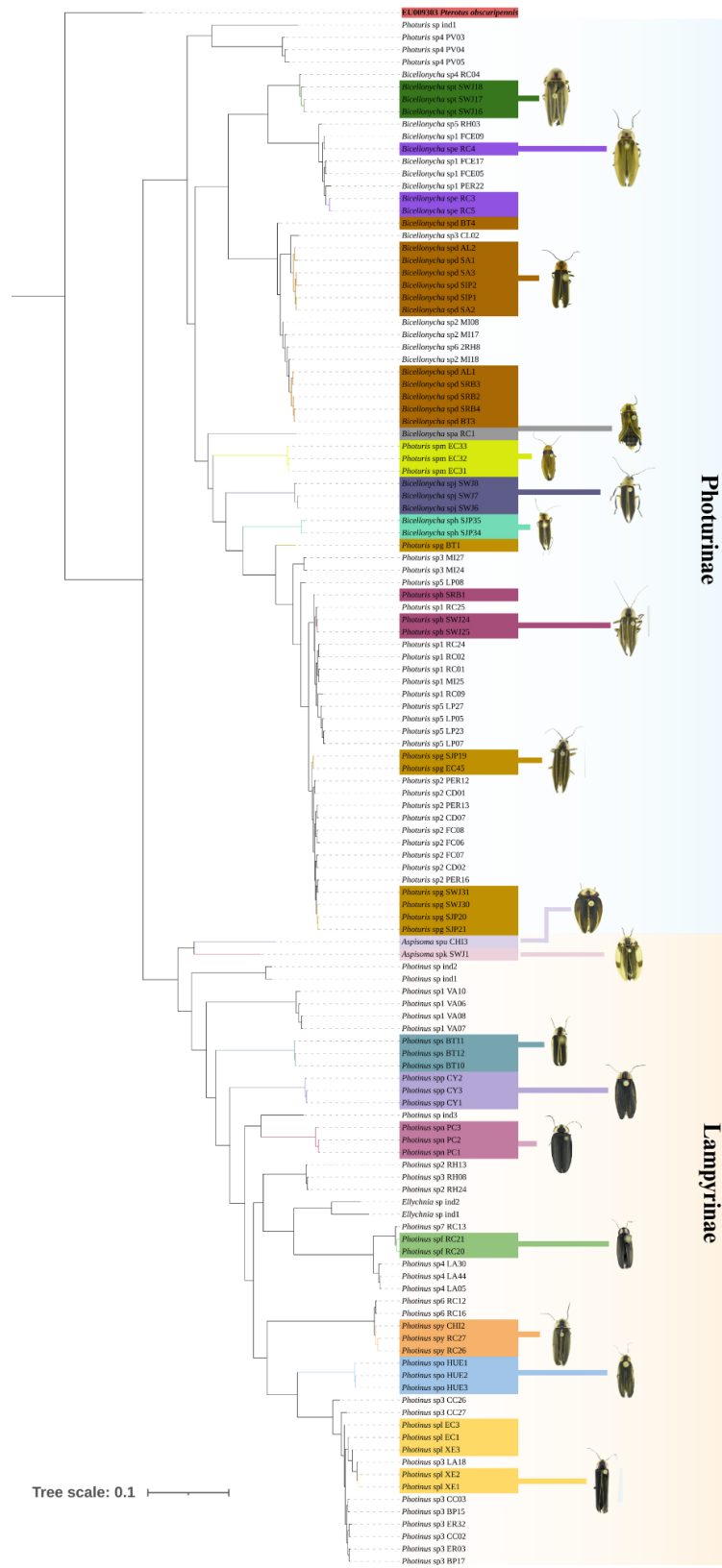


FIGURA 128. Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen COI generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones



**FIGURA 129.** Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones

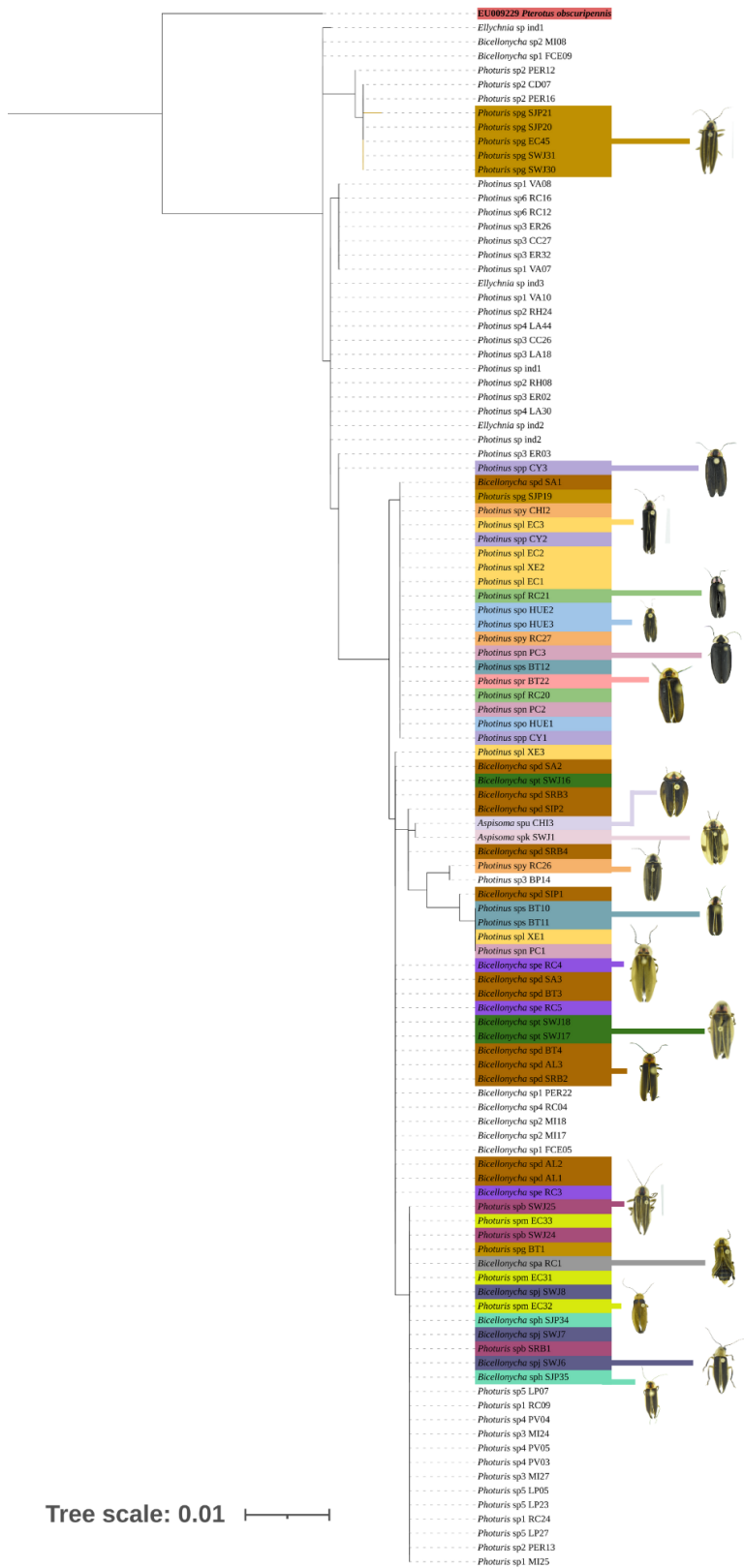


FIGURA 130. Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones

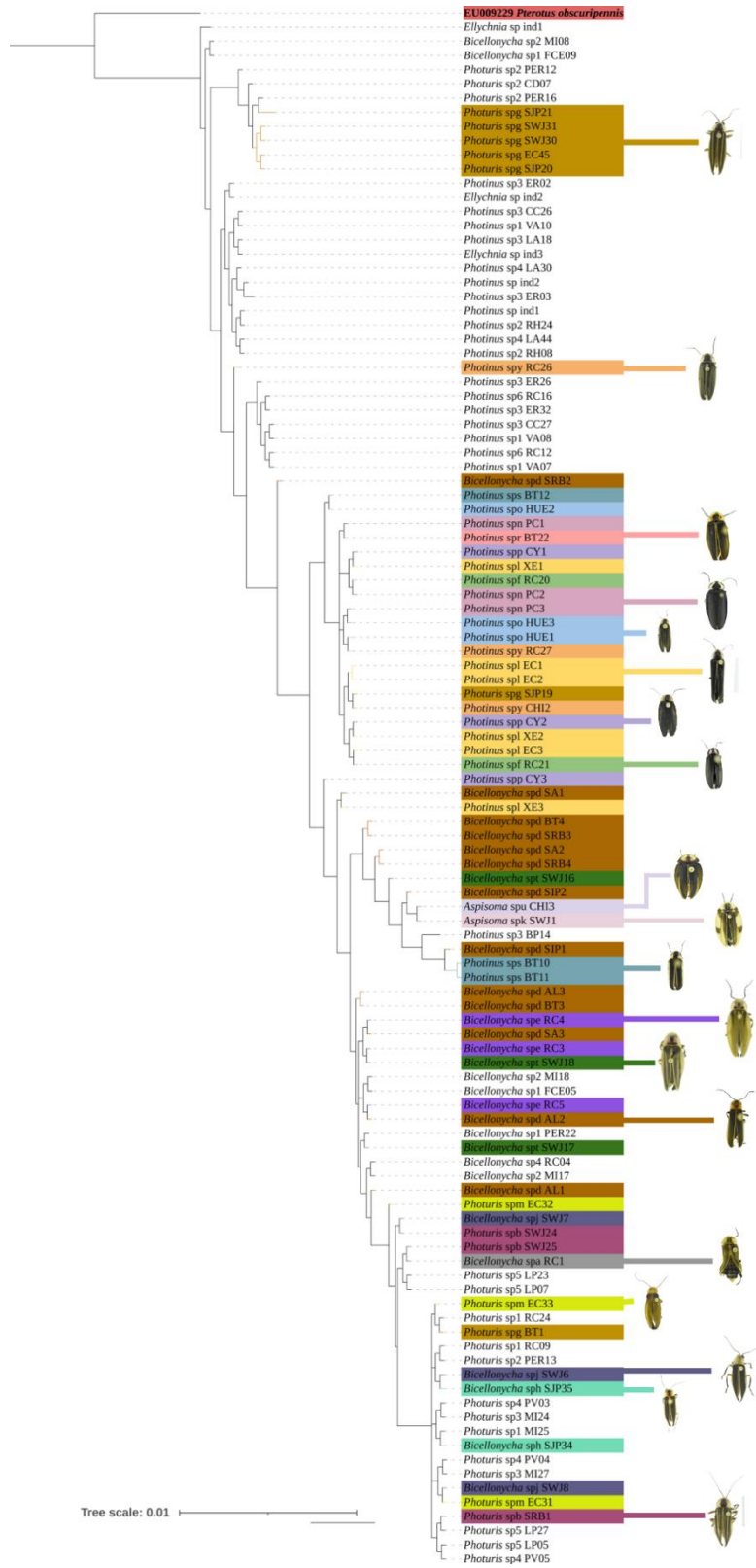
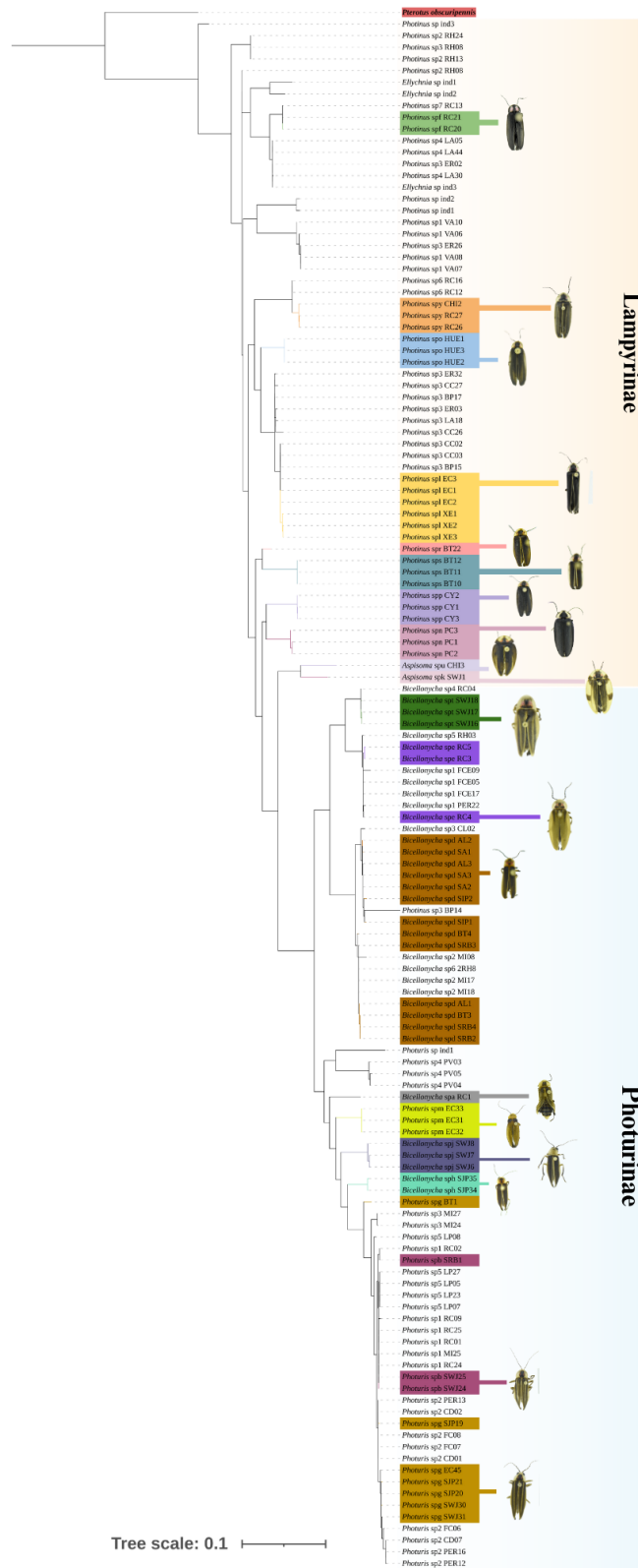
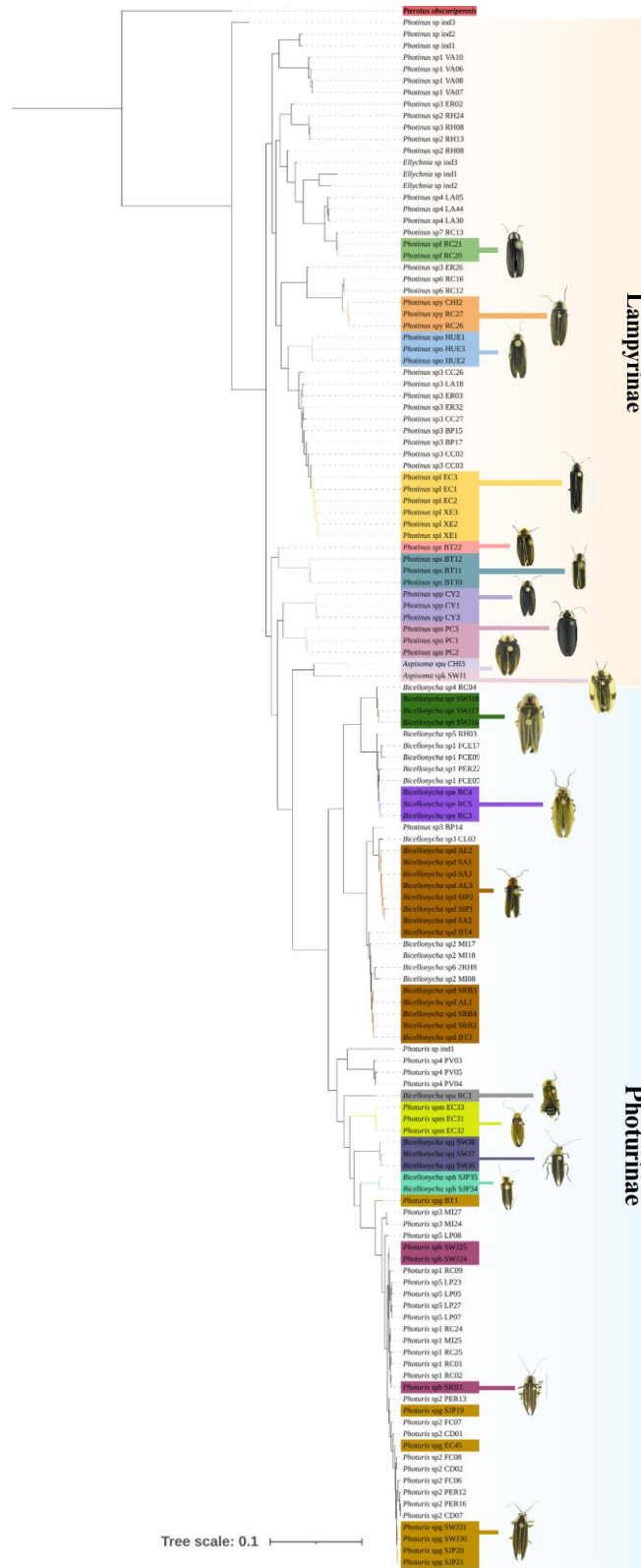


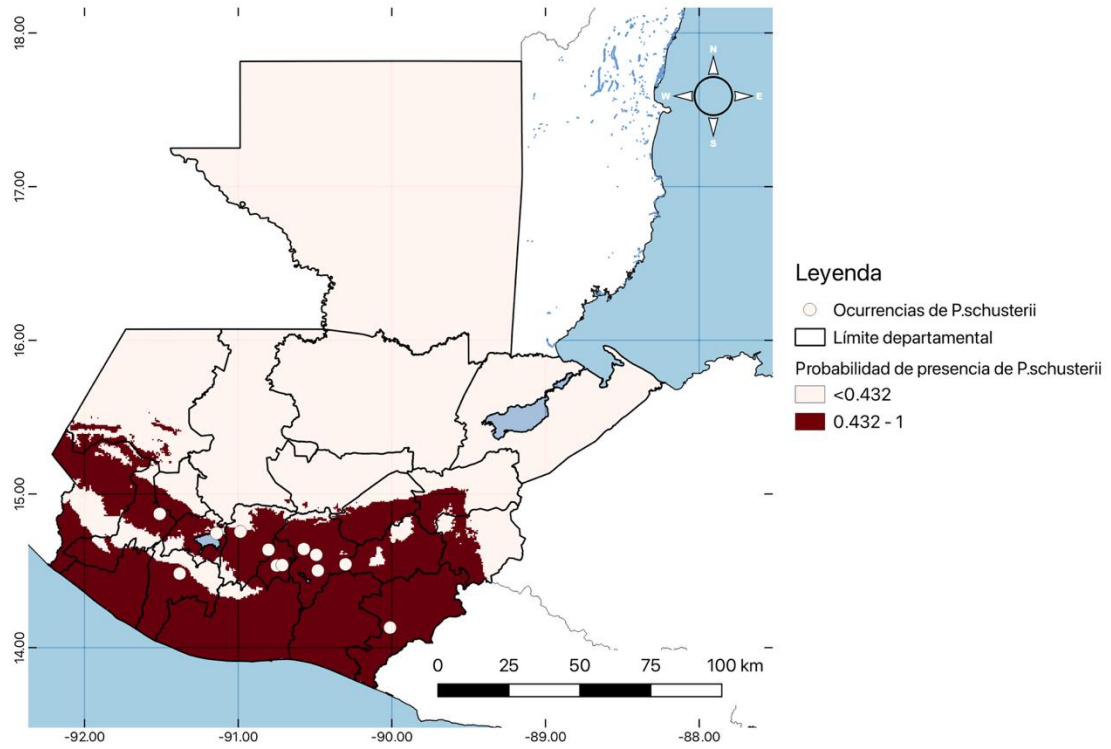
FIGURA 131. Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético del gen COI generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones



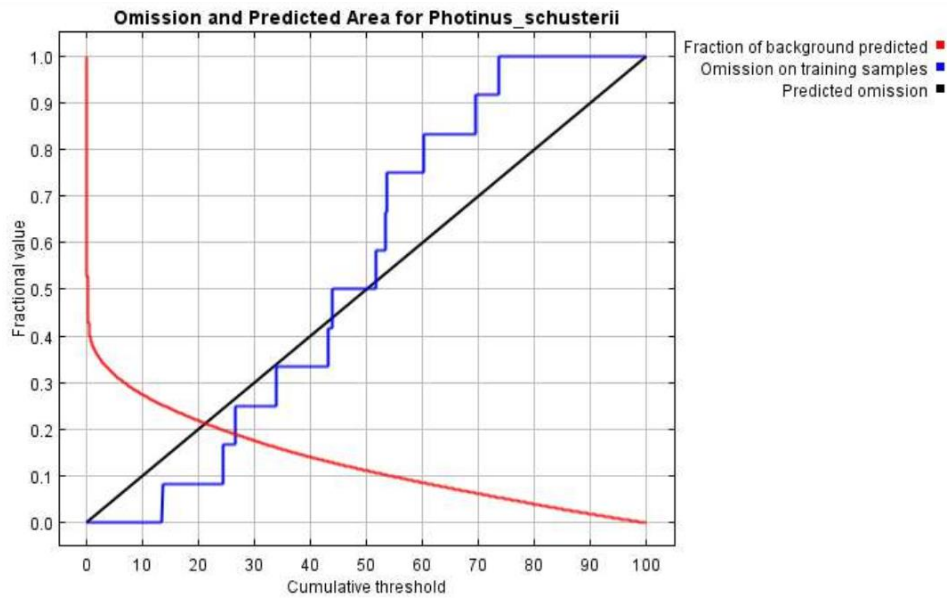
**FIGURA 132.** Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por el método de máxima verosimilitud con 1,000 iteraciones



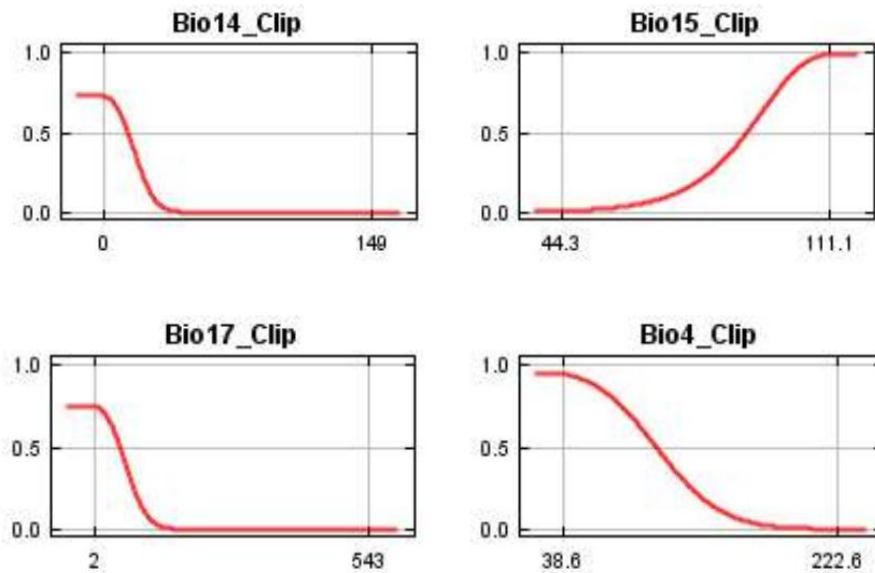
**FIGURA 133. Posicionamiento de *Bicellonycha* sp. a, sp. j y sp. h en árbol filogenético de los genes concatenados 16S, COI y 18S generado por el método de inferencia bayesiana con 20,000,000 iteraciones**



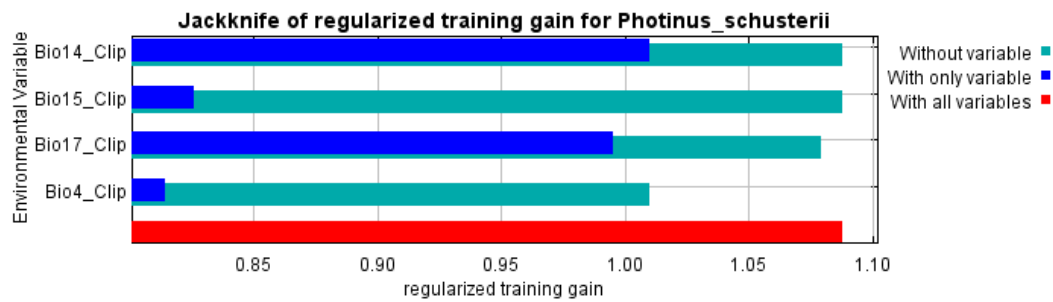
**FIGURA 134.** Mapa de distribución potencial según algoritmo MaxEnt para *Photinus schusterii*



**FIGURA 135.** Curva de omisión y área predictiva para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para *Photinus schusterii*



**FIGURA 136.** Curvas de respuesta de las variables bioclimáticas seleccionadas para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para *Photinus schusteri*



**FIGURA 137.** Análisis *Jackknife* para la contribución de las variables bioclimáticas para el modelo de distribución potencial con MaxEnt para *Photinus schusteri*