

# Resultados de BMS obtenidos desde 2019 en un campus universitario coruñés



**Marta Vila Taboada**

*Una aventura nueva cada año*



**Marta Vila Taboada**

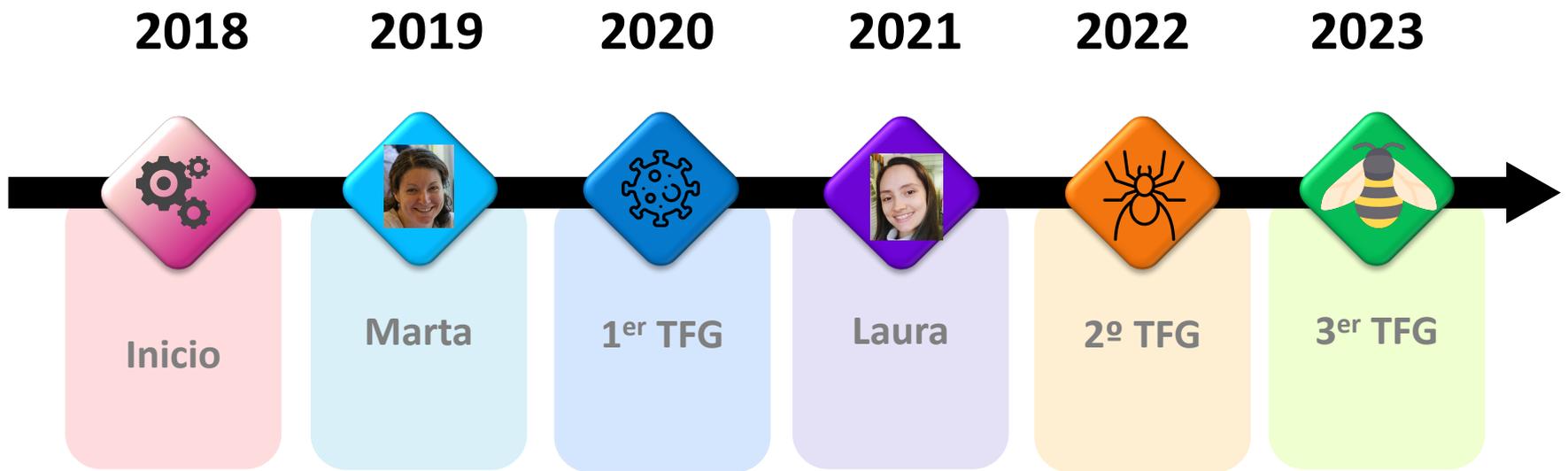
#

# 1. Historia del transecto Lagar de Elviña

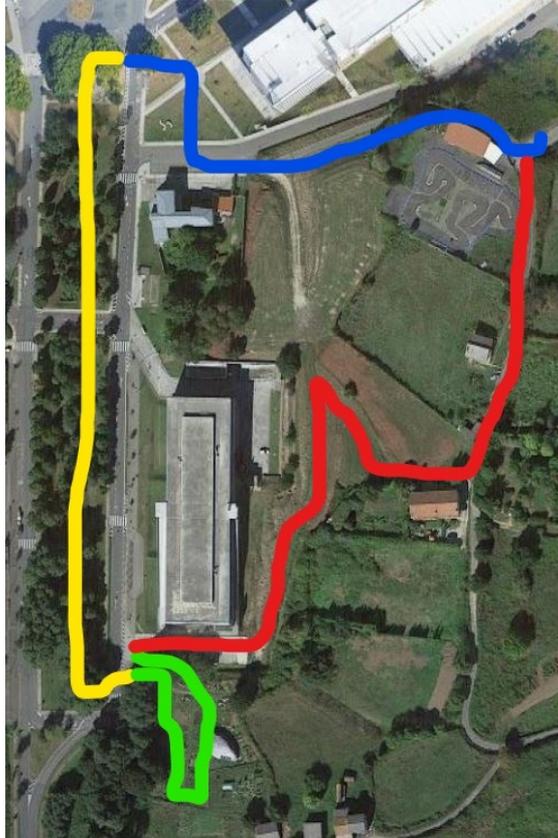


# 2. Aprendizaje-Servicio (ApS)

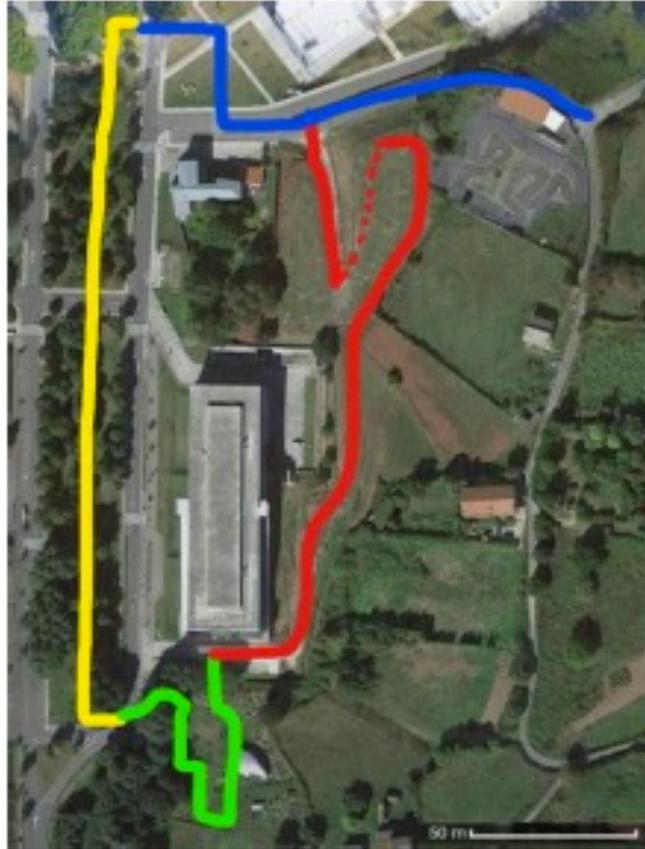
# 1. Historia del transecto Lagar de Elviña



# Lagar de Elviña: 2018



# Lagar de Elviña: 2019/20

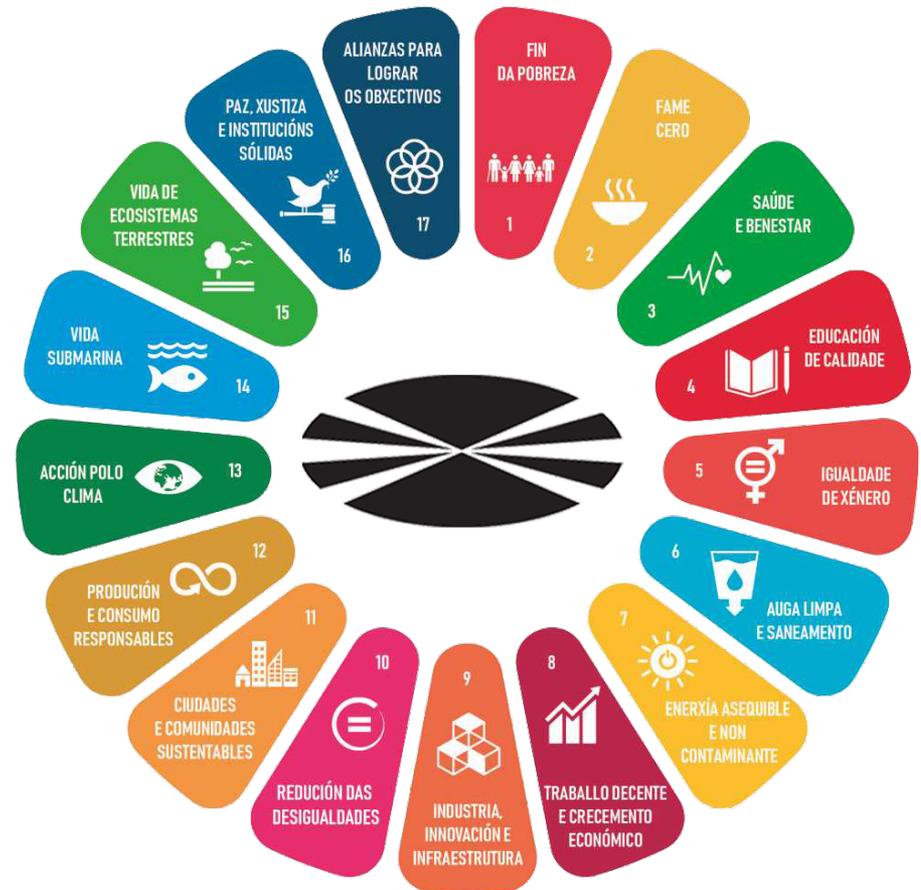


Carballa Fernández (2020) TFG Grado en Biología, UDC.  
<http://hdl.handle.net/2183/26070>



# Lagar de Elviña: 2019/20

TFGs certificado  
como proyecto  
**ApS**



# Lagar de Elviña: 2019/20



Miguel Carballa Fernández: nuevo transecto BMS (A Pastora, Pontevedra)

# Lagar de Elviña: 2021/22



Rodríguez Consentino (2022) TFG Grado en Biología, UDC. Inédito.

# Lagar de Elviña: 2021/22

El trabajo con mariposas permitió (i) el registro de 155 ejemplares de 20 especies en las 8 visitas realizadas al transecto entre marzo y junio de 2022,

Respecto al inventario de arañas, se registraron 84 ejemplares de 38 especies en las 5 visitas realizadas. Diez de ellas fueron identificadas mediante secuenciación de ADN. Quince de las especies constituyen primera cita para la provincia de la Coruña

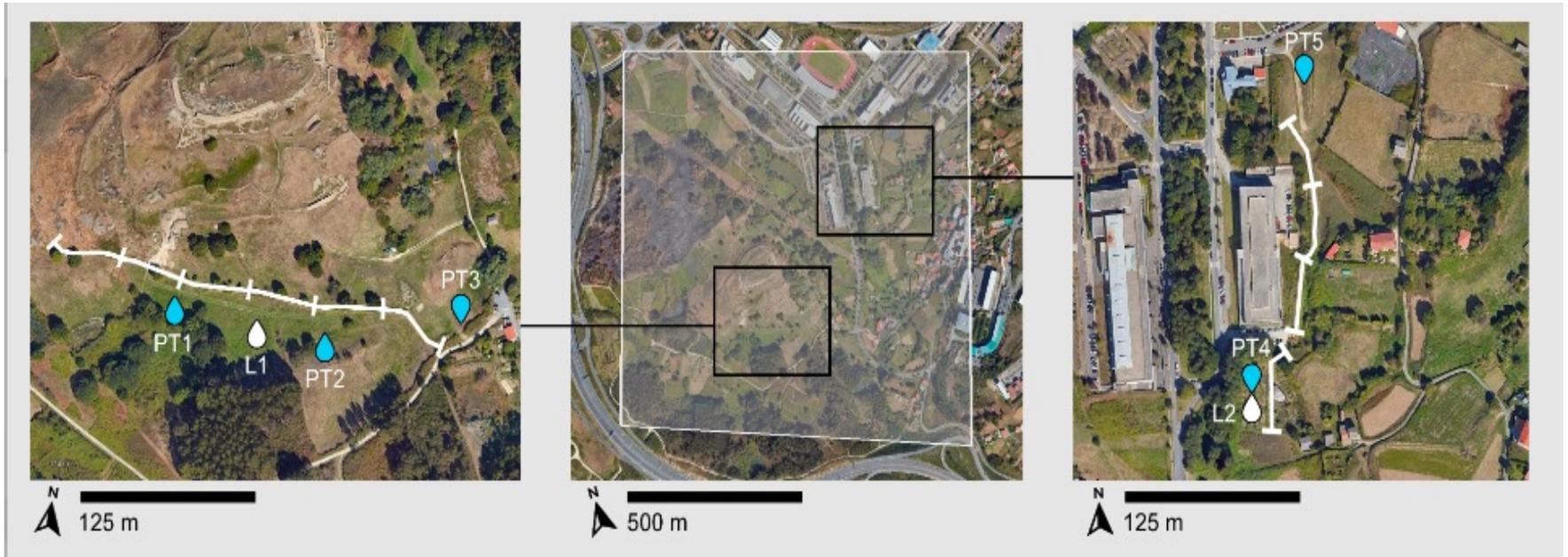
Rodríguez Consentino (2022) Biodiversidad en dos campus de la UDC: seguimiento de mariposas en Elviña e inventario de arañas en A Zapateira.

# Lagar de Elviña: 2022/23



Fernández Romero (2023) TFG Grado en Biología, UDC. Inédito.

# Lagar de Elviña: 2022/23



Fernández Romero (2023) Programa de seguimiento de polinizadores en el Campus de Elviña.

# Lagar de Elviña: 2022/23



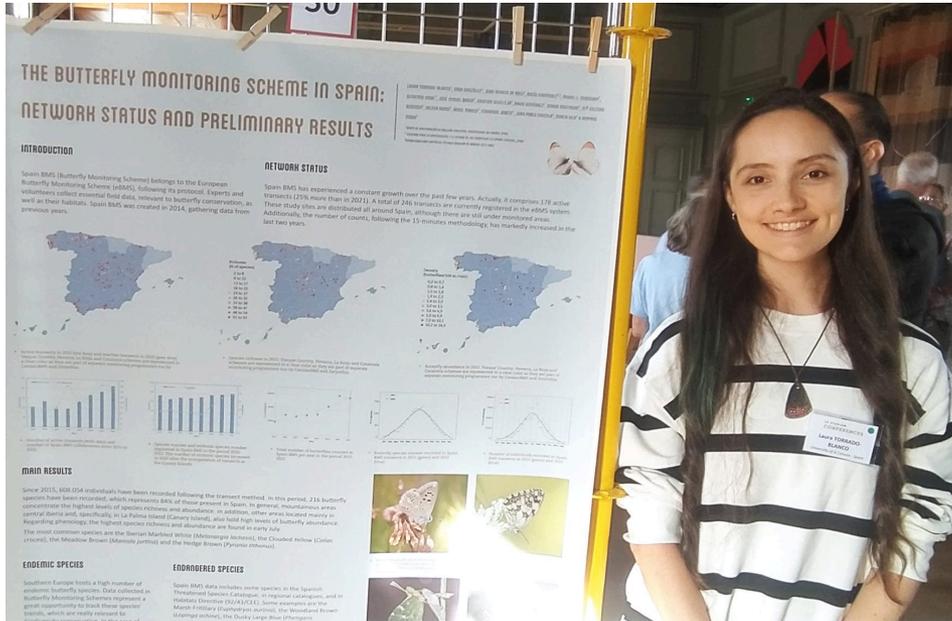
Fernández Romero (2023) Programa de seguimiento de polinizadores en el Campus de Elviña.

# Lagar de Elviña: 2023/24

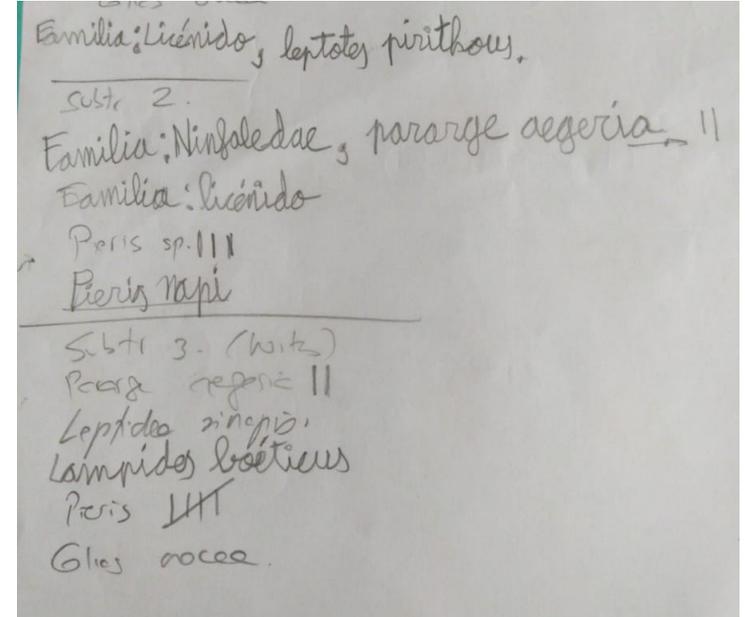


Bellunghi Candal (2024) Programa de seguimiento de polinizadores en el Campus de Elviña. TFG Grado en Biología, UDC.

# Lagar de Elviña: 2019-2023



Laura Torrado Blanco



Telmo Romero Vila

# Lagar de Elviña: 26 especies

- Promedio = 27 ind./visita
- Mínimo 5, máximo 144 ind./visita

*Aglais io*

*Aglais urticae*

*Anthocharis cardamines*

*Cacyreus marshalli*

*Carcharodus alceae*

*Celastrina argiolus*

*Coenonympha pamphilus*

*Colias crocea*

*Cupido argiades*

*Gonepteryx rhamni*

*Lampides boeticus*

*Leptidea sinapis*

*Leptotes pirithous*

*Lycaena tityrus*

*Maniola jurtina*

*Papilio machaon*

*Pararge aegeria*

*Ochlodes sylvanus*

*Pieris brassicae*

*Pieris napi*

*Pieris rapae*

*Polygonia c-album*

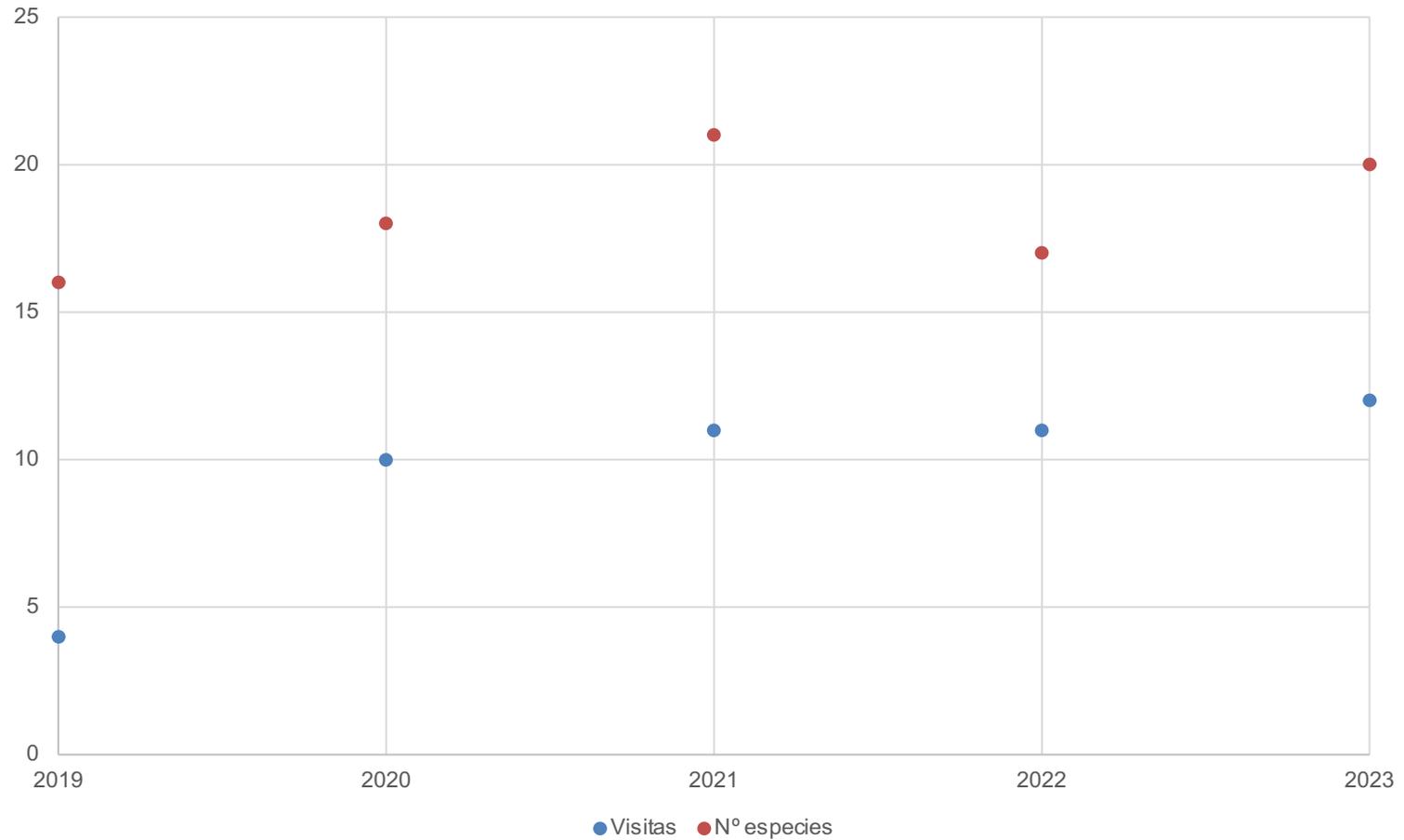
*Polyommatus icarus*

*Pyronia tithonus*

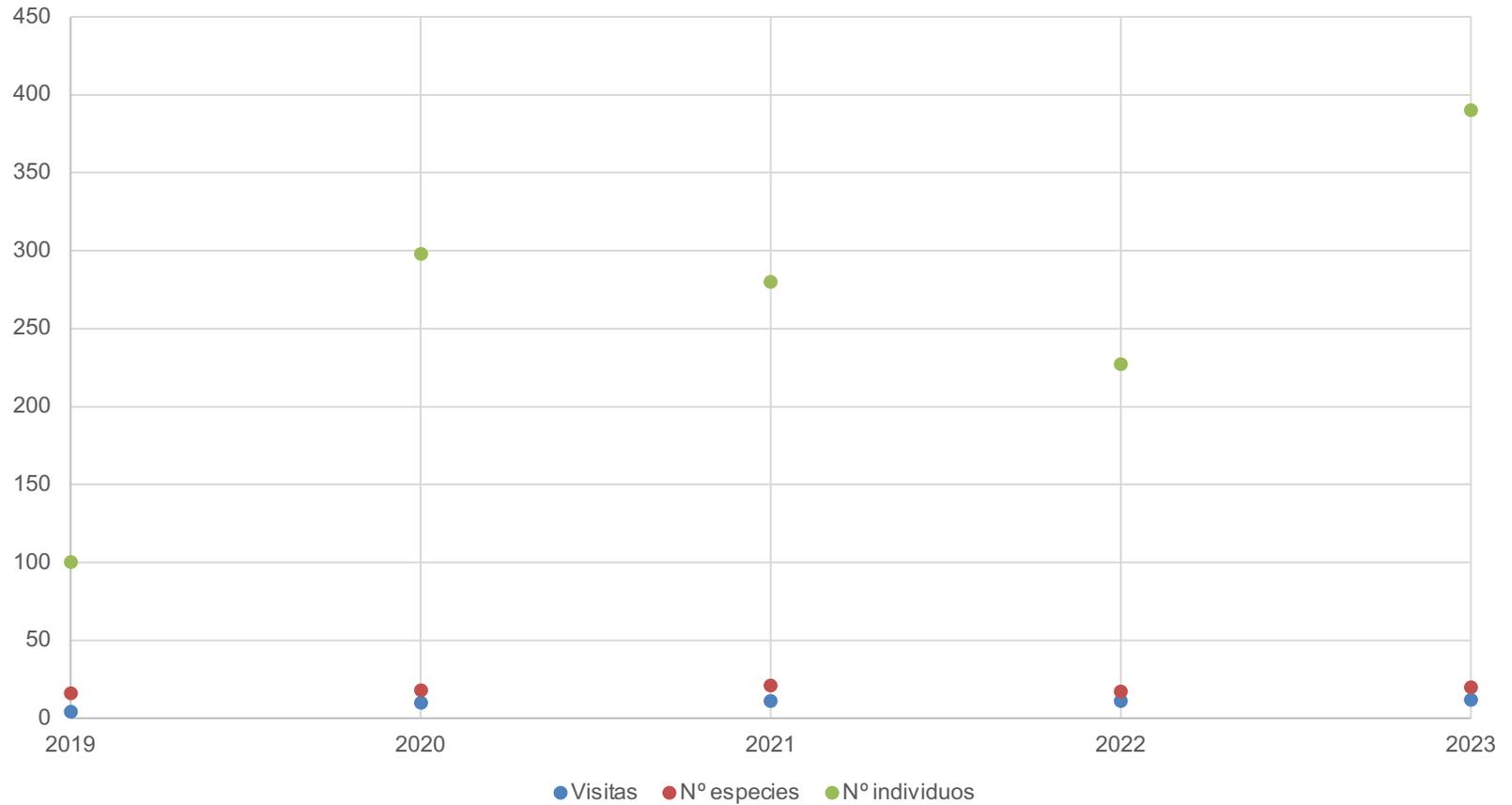
*Vanessa atalanta*

*Vanessa cardui*

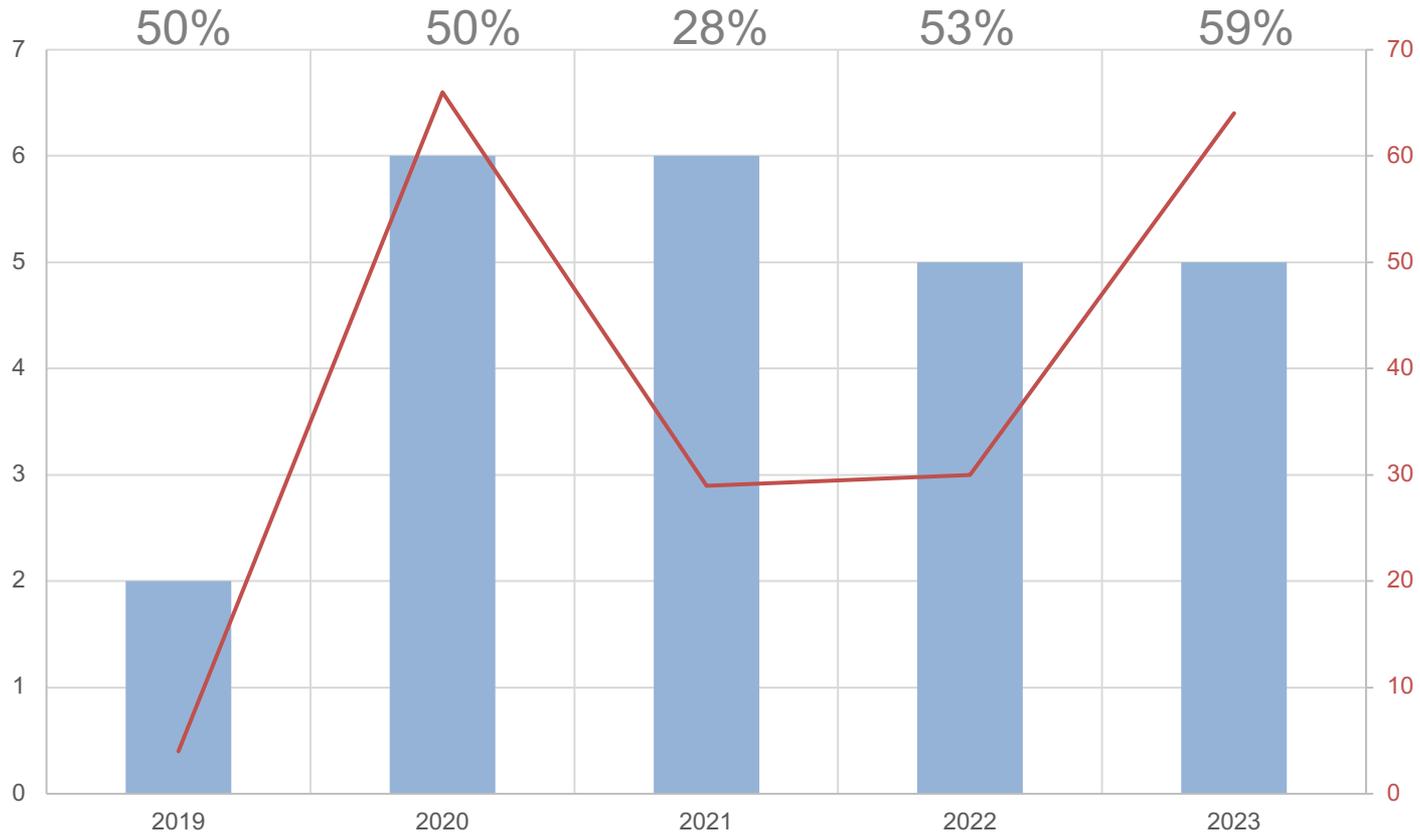
# Lagar de Elviña: 2019-2023



# Lagar de Elviña: 2019-2023

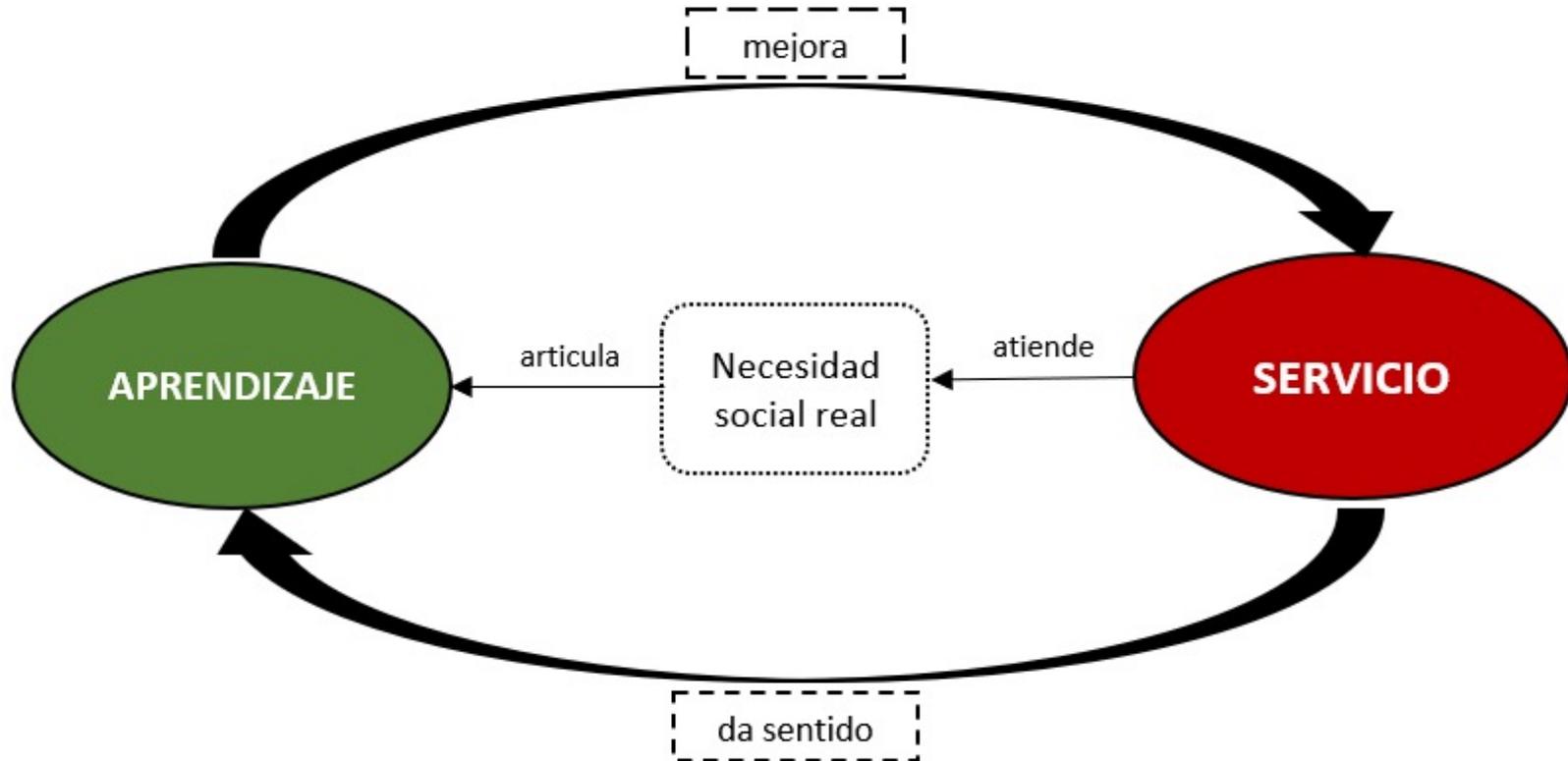


# Lagar de Elviña: 2019-2023

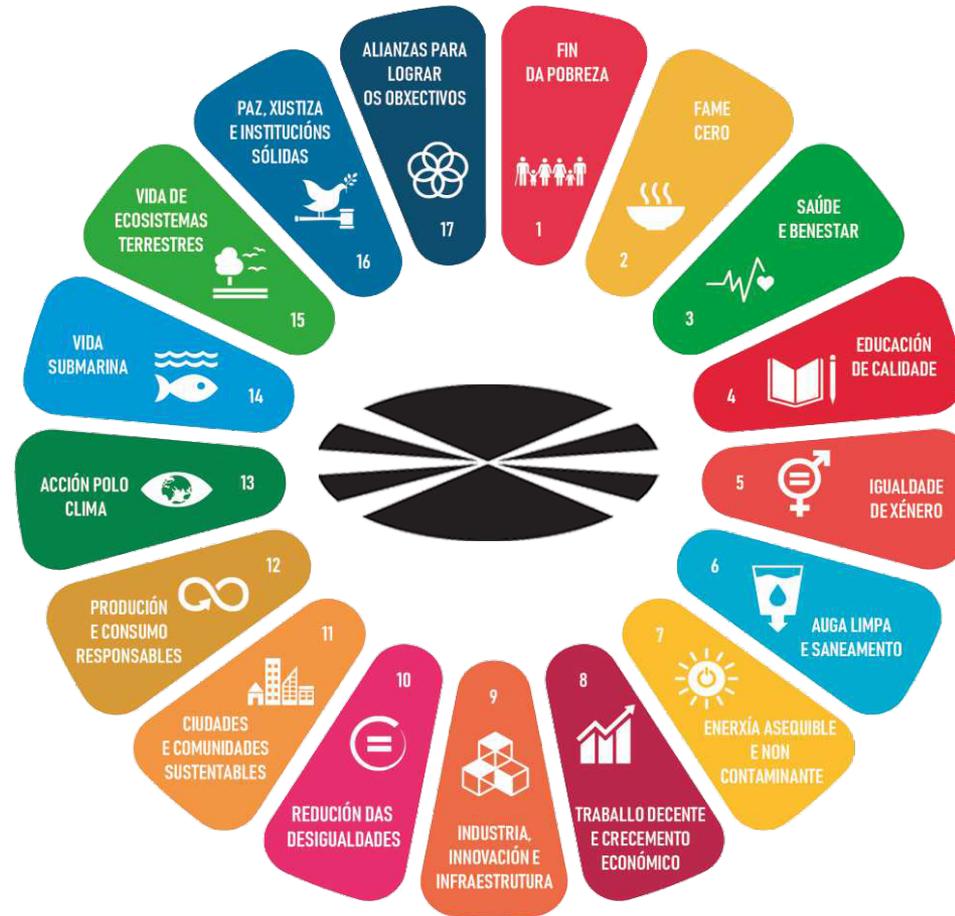


Licénidos: ■ nº de especies, — nº de individuos, XX % individuos no identificados

## 2. Aprendizaje-servizo (ApS)



## 2. Aprendizaje-servizo (ApS)



Objetivos de Desarrollo Sostenible

## Ventajas

Fomenta aprendizaje cooperativo

Favorece desarrollo personal y progreso social

Desarrolla compromiso solidario

Contribuye aprendizaje activo y significativo

## Inconvenientes

Requiere más tiempo de clase tradicional

Exige compromiso a profesorado, alumnado y entidades sociales

## 2. ApS en la UDC

As entidades coas que actualmente a Universidade da Coruña mantén un convenio asinado para promover a metodoloxía aprendizaxe-servizo son as que se detallan a continuación:

ABAC. Asociación de Bulimia e Anorexia de A Coruña

ACCEM

ADEGA

AGENCIA ADVENTISTA PARA EL DESARROLLO Y RECURSOS ASISTENCIALES (ADRA)

AFAL-Ferrolterra

AFFINOR

Albergue para persoas sen fogar Padre Rubinos

AMARAI

APADAN

Arquitectura sen Fronteiras

ASCM

ASDEGAL

Asociacion Boanoite

Asociación Coruña Gatuna

Asociación de persoas Xordas de Ferrol (AXF)

Asociación de Familiares Enfermos de Alzheimer A Coruña (AFACO)

Asociación de personas con diversidade funcional ARELA

Asociación Parkinson Galicia

Asociación protectora de animais Gatocan

### Entidades

Se eres unha entidade sen ánimo de lucro e queres propoñer unha necesidade que poida ser abordada dende un proxecto de ApS cubre o seguinte:

[FORMULARIO](#)

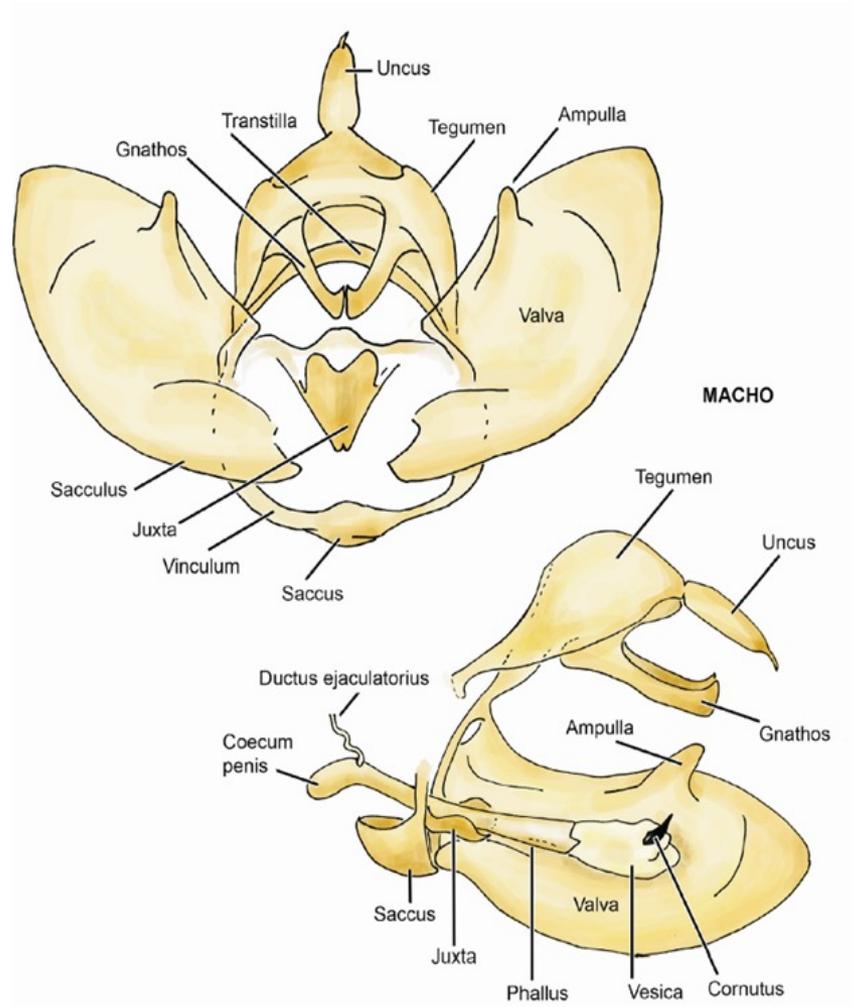
### Propostas de necesidades

- **AFACO:** Elaboración de material gráfico e audiovisual do programa Interxeneracional " Unha viaxe no tempo"
- **ASCM:** Desenvolvemento de proxectos de comunicación, difusión e divulgación.
- **Fundación Rais:** Desenvolvemento unha peza audiovisual para a sensibilización sobre o colectivo de persoas sen fogar na cidade da Coruña.
- **Fundación Rais:**Elaboración dunha base de datos informática para o programa de emprego da entidade que se desenvolve simultaneamente en diferentes territorios.
- **Asociación Muíño do vento e asoc. Veciñal Canido:** Axuda na catalogación dos libros das bibliotecas das entidades

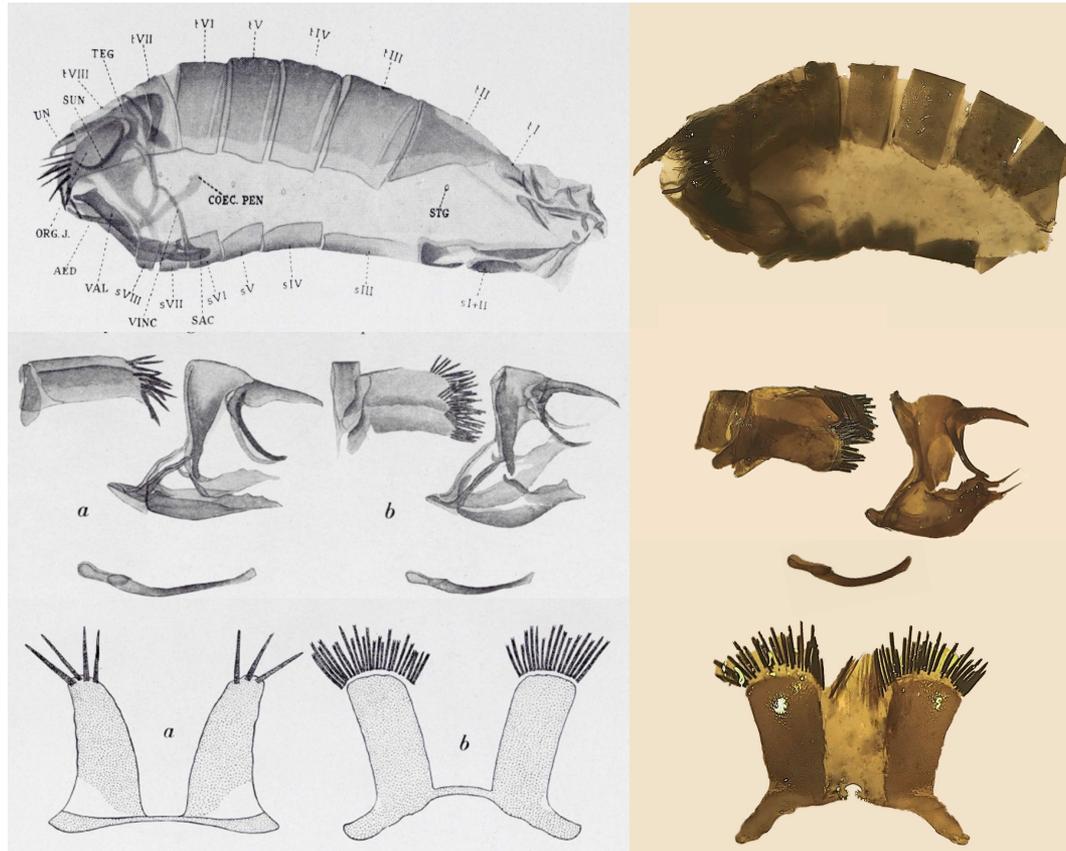
## 2.1. Aprendizaje



## 2.1. Aprendizaje



## 2.1. Aprendizaje



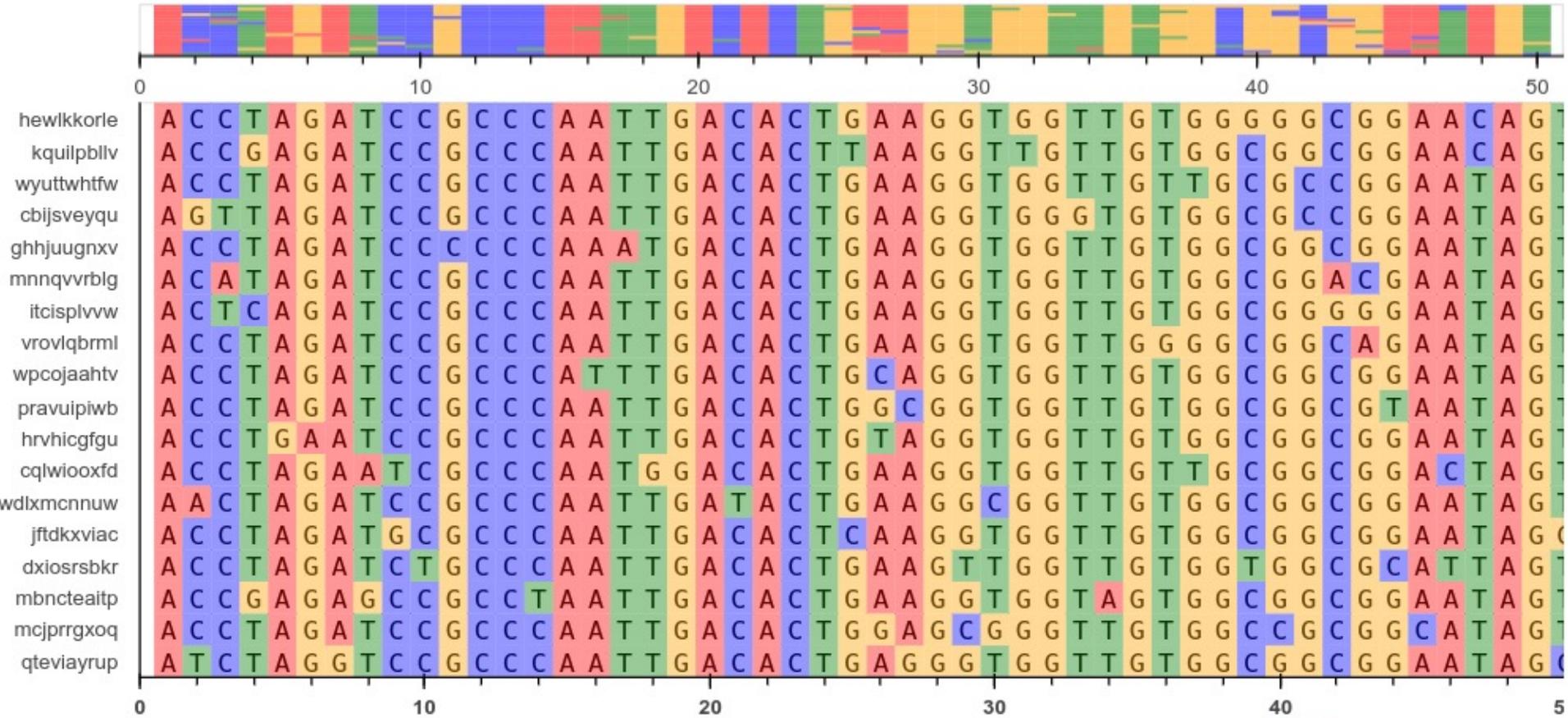
Carballa Fernández (2020) TFG Grado en Biología, UDC.

<http://hdl.handle.net/2183/26070>

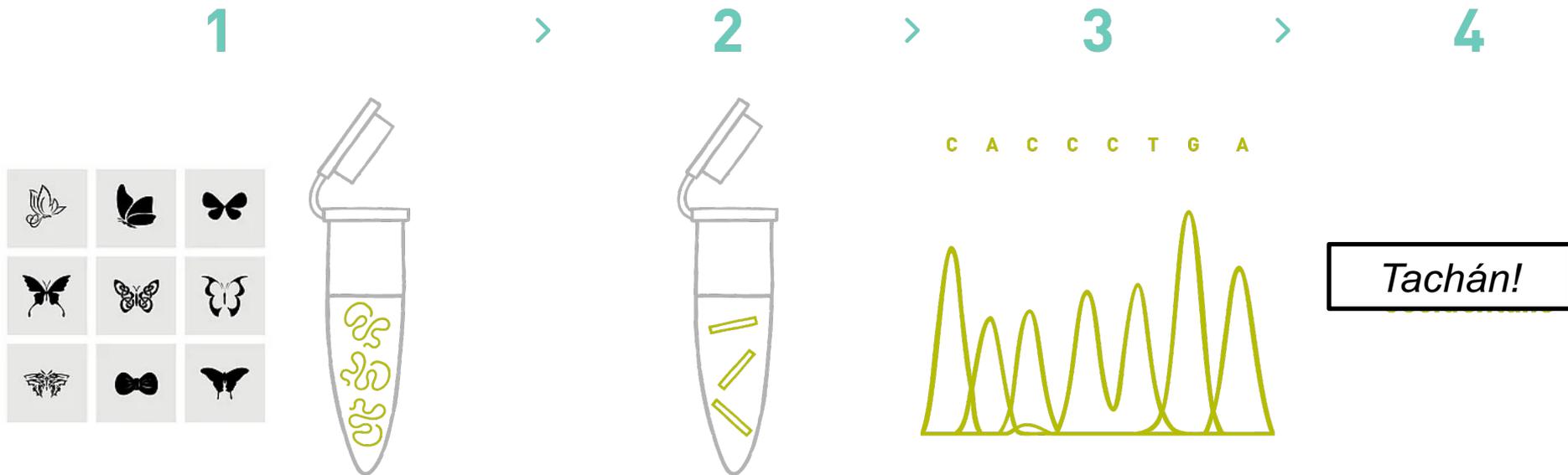
## 2.1. Aprendizaje



# 2.1. Aprendizaje



## 2.2. Servicio: identificación taxonómica a BMS-Galicia



*DNA barcoding*

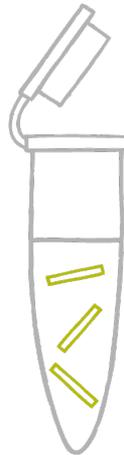
# ¿Cómo funciona el *barcoding*?

1



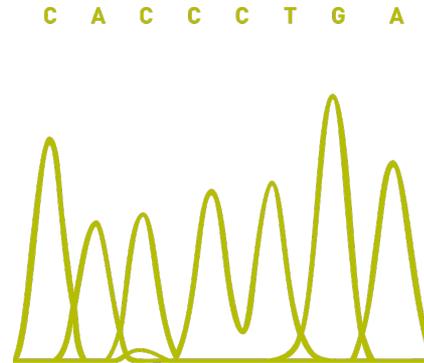
>

2



>

3



>

4

*Tachán!*

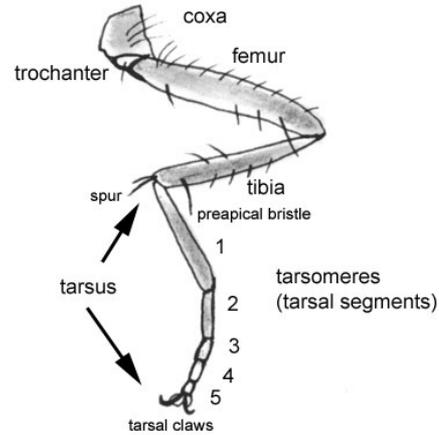
# Barcoding: extracción DNA

1



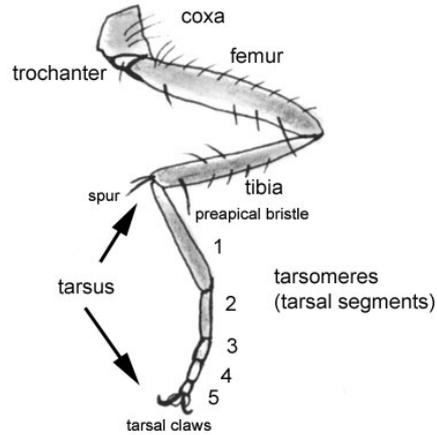
# Barcoding: extracción DNA

1



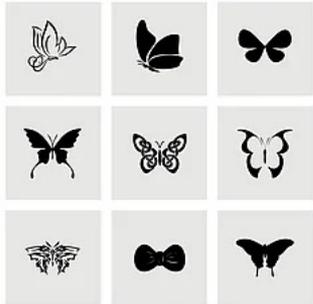
# Barcoding: extracción DNA

1



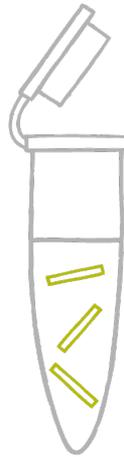
# Barcoding: amplificación génica por PCR

1

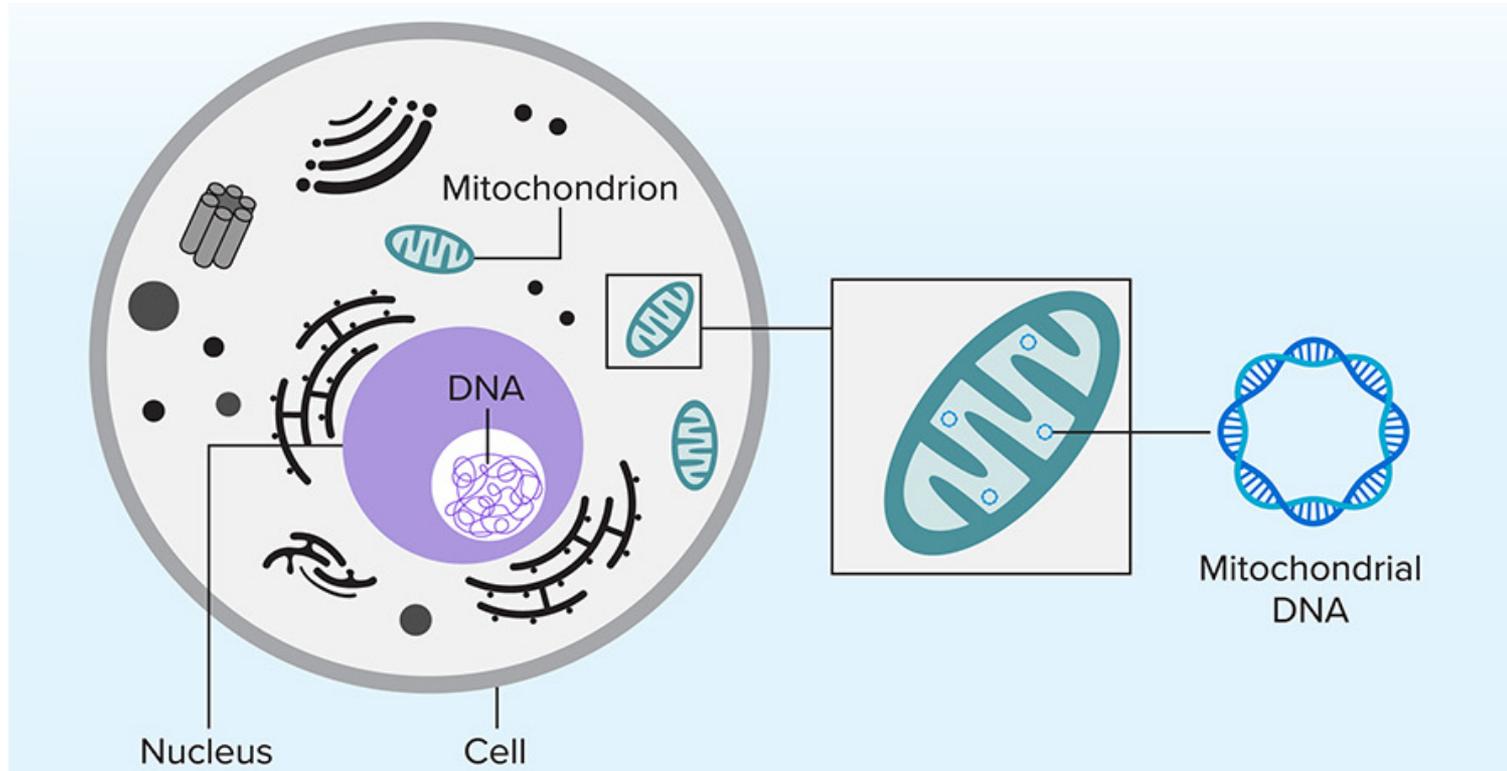


>

2



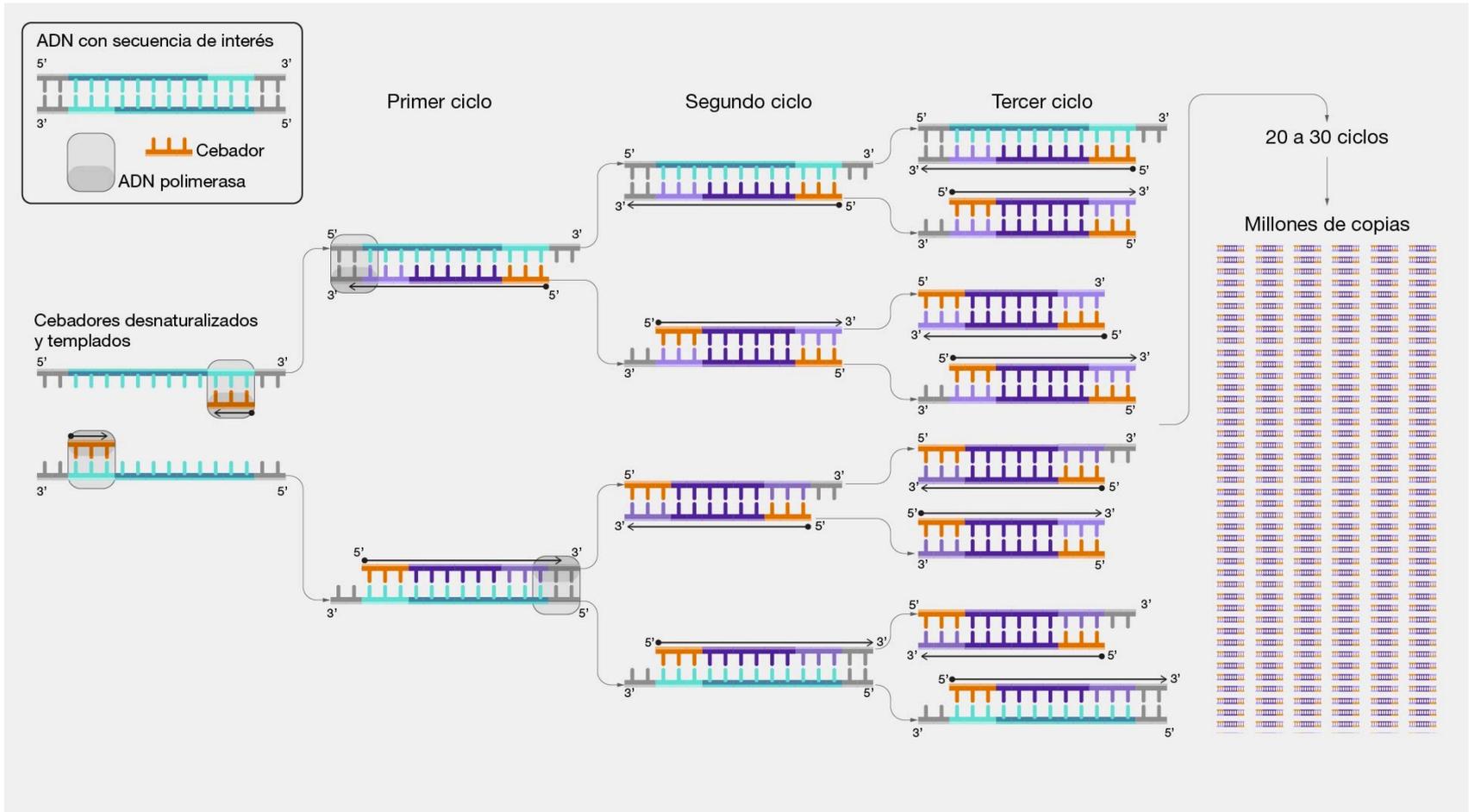
# Barcoding: amplificación génica por PCR



# Barcoding: amplificación génica por PCR



# Barcoding: amplificación génica por PCR



# Barcoding: secuenciado

1



>

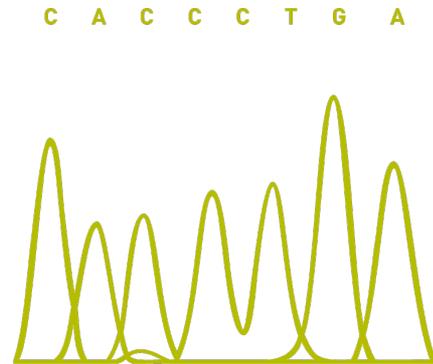
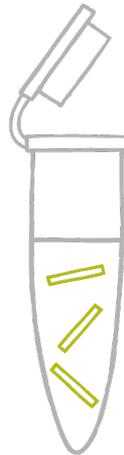
2



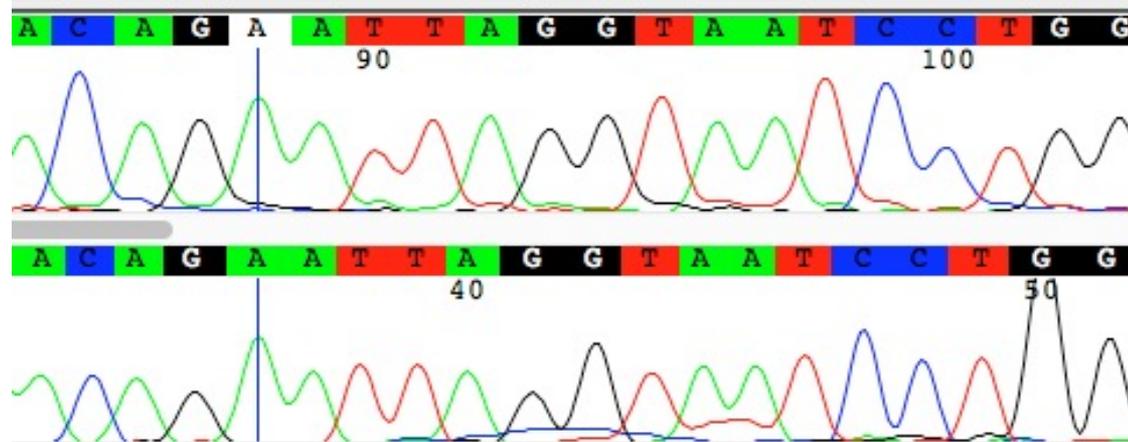
>

3

>



# Barcoding: secuenciado



Base 88 of 631 (88 in contig)



# Barcoding: secuenciado

>bolboretaCorrubedo

```
TTCAACCAATCATAAAGATATTGGGACTTTATATTTTATTTTTGGAATTTGAGCA  
GGAATGGTAGGAACATCTCTTAGTTTAATTATTCGAACAGAATTAGGTAATCCT  
GGATTTTTAATTGGAGACGATCAAATTTATAACACTATTGTCACAGCTCATGCC  
TTTATTATAATTTTTTTTTATAGTAATACCTATTATAATTGGAGGATTTGGTAATTG  
ACTTGTCCCCCTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCTTTCCCTCGAATAAATAA  
TATAAGATTTTGACTTCTCCCCCCTTCTTTAATATTATTAATTTCAAGAAGTATC  
GTCGAAAATGGGGCAGGAACAGGATGAACTGTTTACCCTCCTTTATCATCTA  
ATATTGCACATGGTGGATCTTCTGTAGATTTAGCAATTTTTTTCATTGCACCTAG  
CTGGTATTTCTTCAATCTTAGGAGCCATTAATTTTATTACAACAATTATTAATATA  
CGAATTAATAGTATAACTTATGATCAAATACCTTTATTTGTTTGAGCCGTAGGA  
ATTACAGCATTATTACTATTACTTTCATTGCCCGTATTAGCAGGAGCTATTACTA  
TACTCTTAACAGATCGAAATTTAAATACTTCATTTTTTTGACCCTGCAGGAGGA  
GGAGACCCTATCTTATATCAACATTTATTCTGATTTTTTTGGACATCCA GAAGT
```

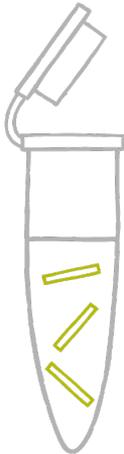
# Barcoding: BLAST

1



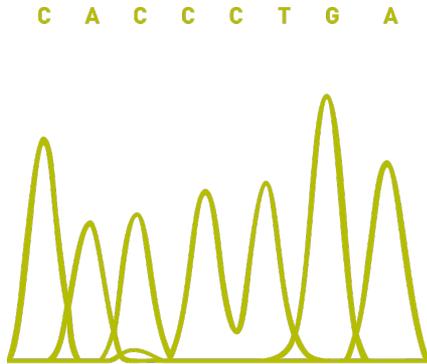
>

2



>

3



>

4

*Tachán!*

# Barcoding: BLAST

Nucleotide BLAST: Search nucleotide databases

blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE\_TYPE=BlastSearch&LINK\_LOC=blasthome

blastn blastp blastx tblastn tblastx

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. more... [Reset page](#) [Bookmark](#)

### Enter Query Sequence

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [Clear](#) **Query subrange** [?](#)

>bolboretaCorrubedo  
ATGGGAATATATATATCGCGCGGATATCTATCAGGCAGCGACGACGTATTATA  
TCGAGCAGCGACGAGCATATCATCTACTACTATCATCAGACGAGCGACA

From   
To

Or, upload file  Ninguno ...hivo selec. [?](#)

Job Title   
Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Align two or more sequences [?](#)

### Choose Search Set

Database  Standard databases (nr etc.):  rRNA/ITS databases  Genomic + transcript databases  Betacoronavirus

[?](#)

Organism Optional   exclude [Add organism](#)  
Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown [?](#)

Exclude Optional  Models (XM/XP)  Uncultured/environmental sample sequences

Limit to Optional  Sequences from type material

Entrez Query Optional  [YouTube](#) [Create custom database](#)  
Enter an Entrez query to limit search [?](#)

### Program Selection

Optimize for  Highly similar sequences (megablast)  
 More dissimilar sequences (discontiguous megablast)  
 Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST engine

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

# Barcoding: BLAST

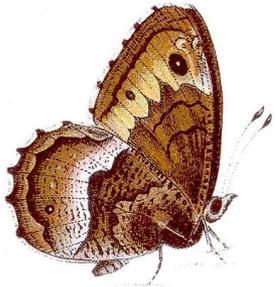
select all 100 sequences selected

[GenBank](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione isolate H4 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1303	1303	100%	0.0	100.00%	705	<a href="#">MT542035.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher JL24_03 cytochrome oxidase c subunit I (COI) gene, partial cds; mitochondrial</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1230	1230	96%	0.0	99.12%	1475	<a href="#">MW318472.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Lepidoptera sp. BOLD:AAC0485 voucher RVcoll.08-P678 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1208	1208	93%	0.0	99.85%	658	<a href="#">HM901224.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher Rvcoll. 150310ZX49 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitoc...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1203	1203	93%	0.0	99.70%	658	<a href="#">KP870436.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Lepidoptera sp. BOLD:AAC0485 voucher RVcoll.08-R165 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1203	1203	93%	0.0	99.70%	658	<a href="#">HM901677.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Lepidoptera sp. BOLD:AAC0485 voucher RVcoll.07-F087 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1203	1203	93%	0.0	99.70%	658	<a href="#">HM901560.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.08-H962 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochond...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1203	1203	93%	0.0	99.70%	658	<a href="#">GU676908.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher Rvcoll. 050111LP62 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitoch...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">KP870942.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher Rvcoll. 080611XP73 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitoc...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">KP870360.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.08-M676 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochond...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">MN139942.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Lepidoptera sp. BOLD:AAC0485 voucher RVcoll.190608FT66 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">HM901529.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Lepidoptera sp. BOLD:AAC0485 voucher RVcoll.08-P044 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">HM901225.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.08-J057 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">GU676950.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.08-J850 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">GU675929.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.08-P695 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochond...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1197	1197	93%	0.0	99.54%	658	<a href="#">GU675726.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia alcyone voucher BC Back 0091 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial</a>	<a href="#">Hipparchia alcyone</a>	1192	1192	93%	0.0	99.39%	658	<a href="#">KX071706.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.12-N741 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochond...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1192	1192	93%	0.0	99.39%	658	<a href="#">KP870649.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher Rvcoll.12-M765 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochond...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1192	1192	93%	0.0	99.39%	658	<a href="#">KP870277.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.08-J083 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1192	1192	93%	0.0	99.39%	658	<a href="#">MN144165.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Lepidoptera sp. BOLD:AAC0485 voucher RVcoll.08-P677.1 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cd...</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1192	1192	93%	0.0	99.39%	658	<a href="#">JN278879.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Hipparchia hermione voucher RVcoll.08-L819 cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene, partial cds; mitochondrial</a>	<a href="#">Hipparchia hermi...</a>	1186	1186	93%	0.0	99.24%	658	<a href="#">GU676259.1</a>

## 2.2. Servicio

1



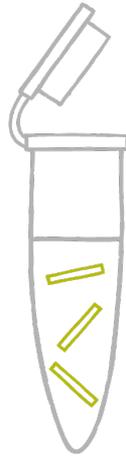
>

2



>

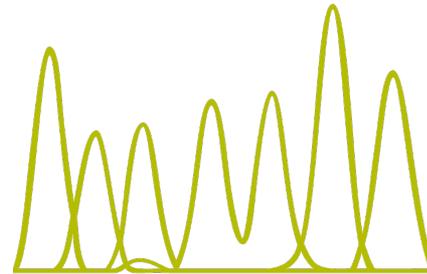
3



>

4

C A C C C T G A



*Hipparchia  
hermione*

# Barcoding: publicación de nuevas secuencias

**National Library of Medicine**  
*National Center for Biotechnology Information*

[Log in](#)

---

Nucleotide   [Advanced](#) [Help](#)

---

GenBank

## Hipparchia hermione isolate H4 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial

GenBank: MT542035.1  
[FASTA](#) [Graphics](#)

---

[Go to:](#)

**LOCUS** MT542035 705 bp DNA linear INV 07-JUN-2020

**DEFINITION** Hipparchia hermione isolate H4 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, partial cds; mitochondrial.

**ACCESSION** MT542035

**VERSION** MT542035.1

**KEYWORDS** .

**SOURCE** mitochondrion Hipparchia hermione

**ORGANISM** [Hipparchia hermione](#)  
Eukaryota; Metazoa; Ecdysozoa; Arthropoda; Hexapoda; Insecta; Pterygota; Neoptera; Endopterygota; Lepidoptera; Glossata; Ditrysia; Papilionoidea; Nymphalidae; Satyrinae; Satyrini; Satyrina; Hipparchia.

**REFERENCE** 1 (bases 1 to 705)  
**AUTHORS** Carballa Fernandez,M. and Vila Taboada,M.  
**TITLE** Butterfly monitoring scheme  
**JOURNAL** Unpublished

**REFERENCE** 2 (bases 1 to 705)

---

**Analyze this sequence**   
Run BLAST  
Pick Primers  
Highlight Sequence Features  
Find in this Sequence

---

**Related information**   
Protein  
Taxonomy

---

**Recent activity**   
[Turn Off](#) [Clear](#)  
Hipparchia hermione isolate H4 cytochrome c oxidase subunit I (COX1) gene, pa Nucleotide

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/1847313291>

# Barcoding: publicación de nuevas secuencias

JOURNAL Submitted (01-JUN-2020) Department of Biology, University of A  
Coruna, Facultade de Ciencias, Rua da Fraga 10, A Coruna, A Coruna  
E-15008, Spain

COMMENT ##Assembly-Data-START##  
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing  
##Assembly-Data-END##

FEATURES Location/Qualifiers  
source 1..705  
/organism="Hipparchia hermione"  
/organelle="mitochondrion"  
/mol\_type="genomic DNA"  
/isolate="H4"  
/db\_xref="taxon:1678387"  
/sex="male"  
/country="Spain"  
/collected\_by="Saba Gonzalez"  
/identified\_by="Miguel Carballa"  
/PCR\_primers="fwd\_name: LepF1, fwd\_seq:  
attcaaccaatcataaagatat, rev\_name: LepR1, rev\_seq:  
taaacttctggatgtcctcaaaa"  
[gene](#) <1..>705  
/gene="COX1"  
[CDS](#) <1..>705  
/gene="COX1"  
/codon\_start=2  
/transl\_table=5  
/product="cytochrome c oxidase subunit I"  
/protein\_id="OKF54365.1"  
/translation="STNHKDIGTLYFIFGIWAGMVGTSLSLIIRTELGNPGFLIGDDQ  
IYNTIVTAHAFIMIFFVMVPMIMIGGGFNWLVPLMLGAPDMAFPRMNMMSFWLLPPLM  
LLISSSIVENGAGTGWTVYPPSSNIAHGGSSVDLAI FSLHLAGISSILGAINFITTI  
INMRINSMTYDQMPLFVWAVGITALLLLLSLPVLAGAITMLLTDRLNNTSFFDPAGGG  
DPILYQHLFWFFGHPEV"

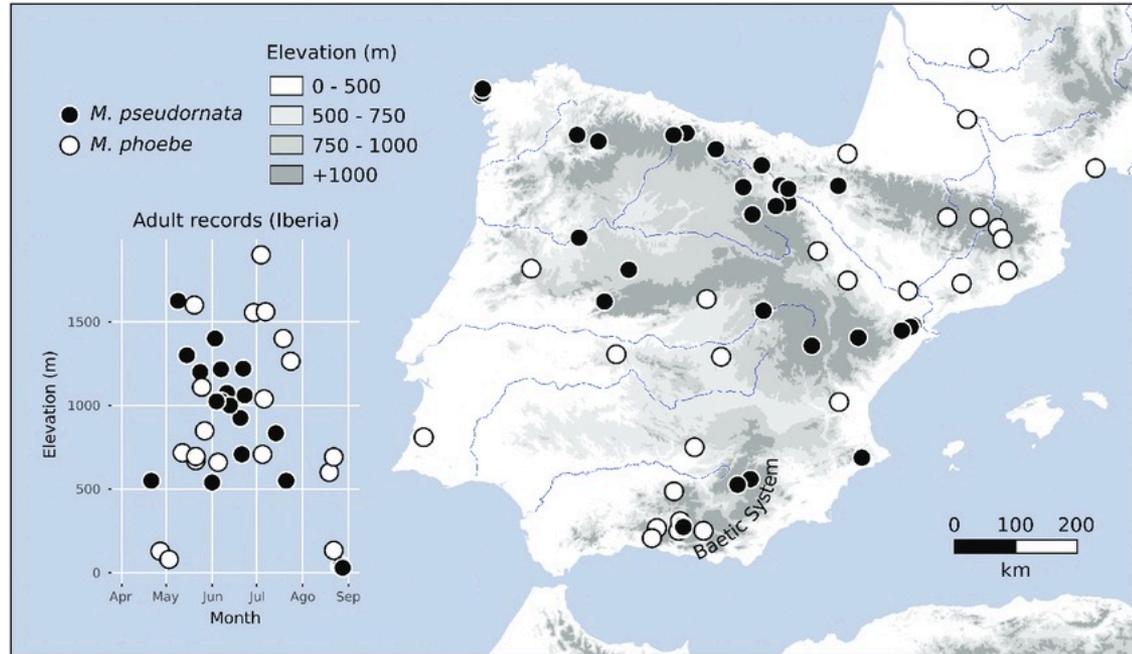
ORIGIN  
1 ttcaaccaat cataaagata tgggacttt atattttatt tttggaattt gagcaggaat  
61 ggtaggaaca tctccttagtt taattattcg aacagaatta ggtaatcctg gatttttaat  
121 tggagacgat caaatttata aactattgt cacagctcat gcctttata taattttttt  
181 tatagtaata cctattataa ttggaggatt tggtaattga cttgtccccc taatattagg  
241 aqctcctgat ataqctttcc ctcaataaa taatataaga ttttgaactt ccccccttc

NUCLEOTIDE

[See more...](#)

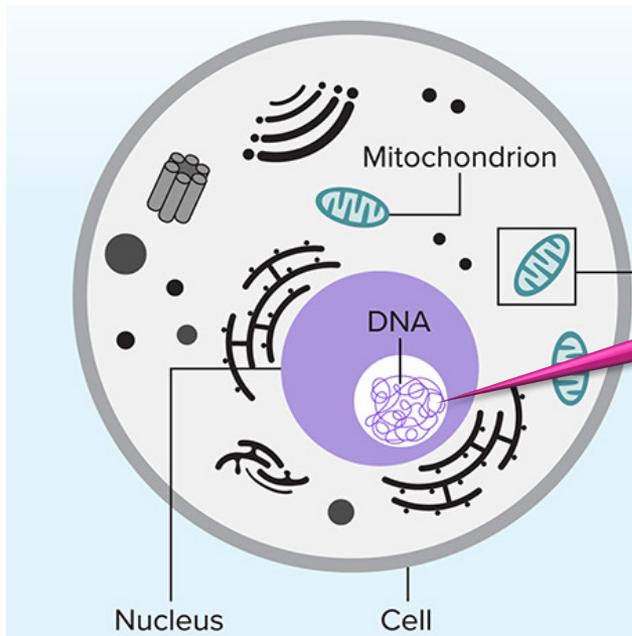
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/1847313291>

# Algunas identificaciones son más complejas



Hinojosa et al. (2022) Integrative Taxonomy Reveals a New *Melitaea* (Lepidoptera: Nymphalidae) Species Widely Distributed in the Iberian Peninsula. *Insect Syst Divers* 6:1–9.

# Algunas identificaciones son más complejas



Identificación mediante gen nuclear: *wingless*

Hinojosa et al. (2022) Integrative Taxonomy Reveals a New *Melitaea* (Lepidoptera: Nymphalidae) Species Widely Distributed in the Iberian Peninsula. *Insect Syst Divers* 6:1–9.

# Agradecimientos

- Saba González
- Laura Torrado
- Miguel Carballa



- BMS/SOCEME
- Sociedade Galega de Historia Natural
- Oficina de Cooperación e Voluntariado (UDC)
- Servizos de Apoio á Investigación (UDC)

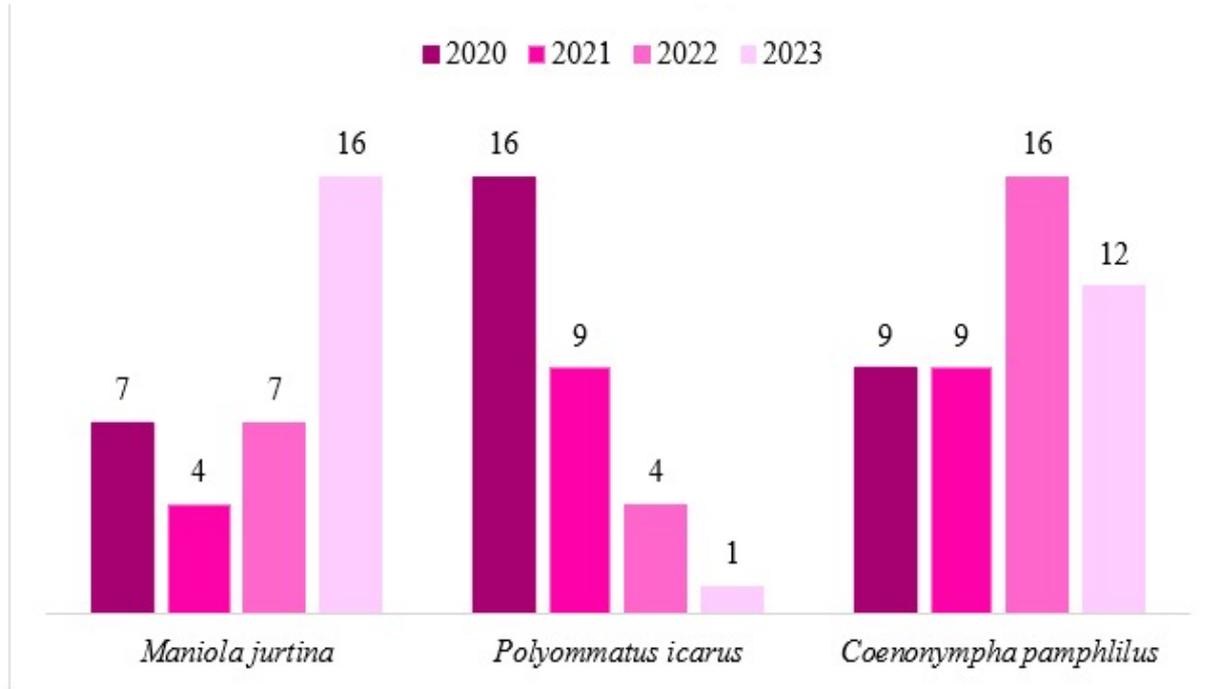


¡Gracias por vuestra atención!



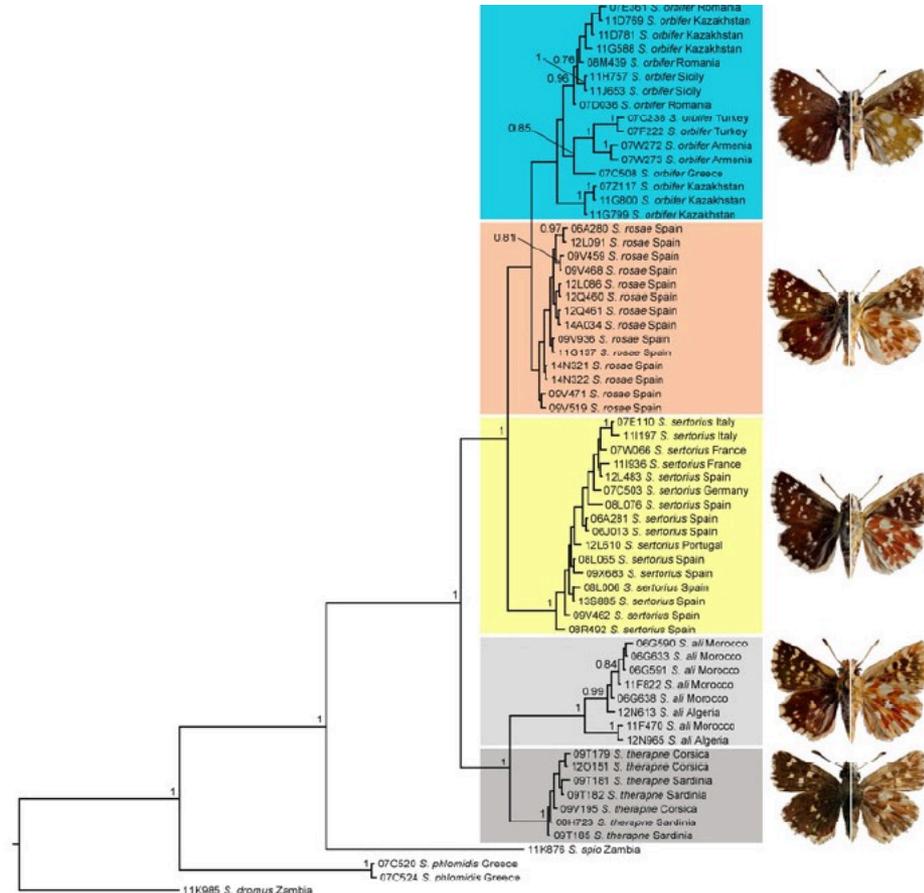
UNIVERSIDADE DA CORUÑA

# Lagar de Elviña: 2022/23



Fernández Romero (2023) Programa de seguimiento de polinizadores en el Campus de Elviña.

# Barcoding: descubrimiento de nuevas especies



Hernández-Roldán et al. (2016) Integrative analyses unveil speciation linked to host plant shift in *Spialia* butterflies. *Mol Ecol* 25: 4267-84.

# Barcoding: descubrimiento de nuevas especies

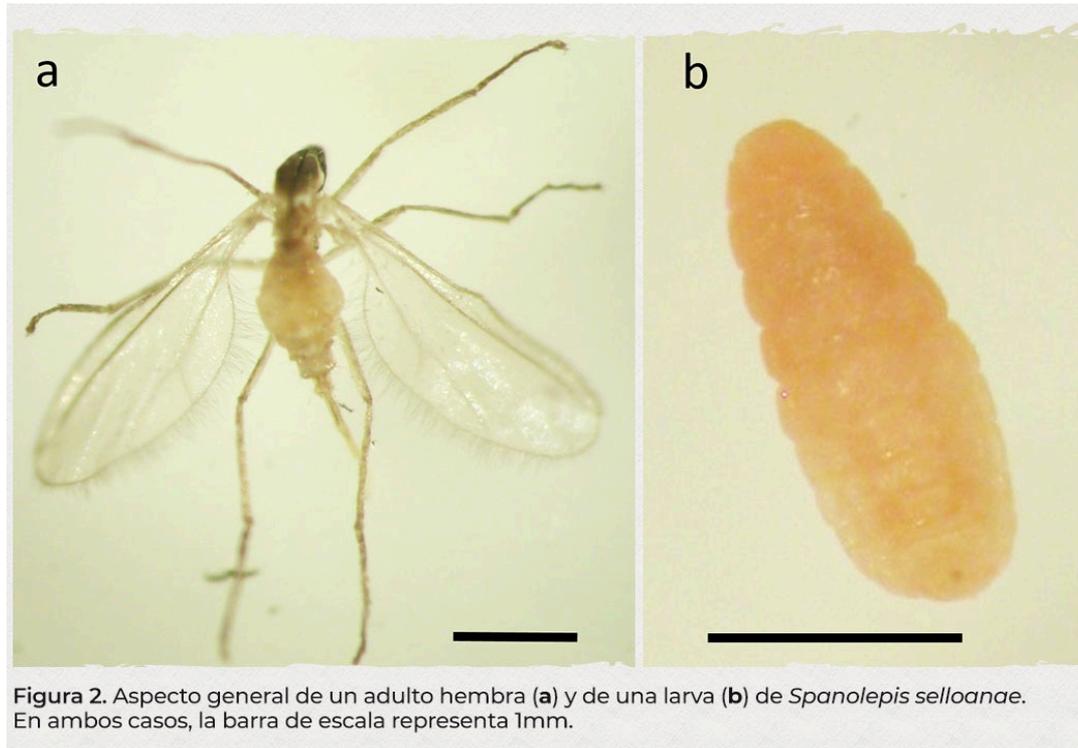


Figura 2. Aspecto general de un adulto hembra (a) y de una larva (b) de *Spanolepis selloanae*. En ambos casos, la barra de escala representa 1mm.

Fagúndez J, Gagné RJ & Vila M (2021). A new gall midge species (Diptera, Cecidomyiidae) as a potential candidate for biological control of the invasive plant *Cortaderia selloana* (Poaceae). *Phytoparasitica* 49:229-241.