

Anàlisi de la dieta del tritó del Montseny (*Calotriton arnoldi*) mitjançant el metabarcoding

JOAN GOMÀ MARTÍNEZ^{1,2} i CESC MÚRRIA¹

¹Departament de Biologia Evolutiva, Ecologia i Ciències Ambientals (BEECA). Universitat de Barcelona

²Departament de Biologia Vegetal, Animal i Ecologia (BABVE). Universitat Autònoma de Barcelona

Resum

La tècnica del *metabarcoding* o seqüenciació massiva de gens presents a les femtes s'utilitza recentment per estudiar la dieta dels organismes. En el cas del tritó del Montseny és ideal pel caràcter no invasiu de la metodologia. Es van recollir femtes de 65 exemplars i se'n va seqüenciar massivament el gen COX 1.

El processament bioinformàtic permet associar les seqüències a la taxonomia. Els principals components de la dieta són insectes i salamandra i, en una mesura inferior, oligoquets, branquiòpodes i cargols. En els insectes hi apareixen nombroses famílies presents de manera abundant en els torrents de la conca alta de la Tordera d'on els tritons no són selectius per a cap llinatge en concret, si bé hi ha tres famílies presents en més individus: dípters, tricòpters i efemeròpters. A la majoria de femtes hi ha restes de més d'una presa i poques tenen dominància de senyal d'una sola espècie: no sembla que siguin dependents d'una presa en concret si bé mostren preferències per determinats organismes.

Paraules clau

Tritó del Montseny, *metabarcoding*, dieta

Resumen

Análisis de la dieta del tritón del Montseny (*Calotriton arnoldi*) mediante el metabarcoding

La técnica de *metabarcoding* o secuenciación masiva de genes presentes en las heces se utiliza recientemente para estudiar la dieta de los organismos. En el caso del tritón del Montseny es ideal por el carácter no invasivo de la metodología. Se recolectaron heces de 65 especímenes y se secuenció masivamente el gen COX 1.

El procesamiento bioinformático permite asociar secuencias con taxonomía. Los principales componentes de la dieta son insectos y salamandras, en menor medida oligoquetos, branquiópodos y caracoles. En insectos hay numerosas familias presentes abundantemente en los torrentes de la cuenca alta de la Tordera. Los tritones no son selectivos para ningún linaje en particular, aunque hay tres familias presentes en más individuos: dípteros, tricópteros y efemerópteros. En la mayoría de las heces hay restos de más de una presa y pocas tienen dominancia de señal de una sola especie: no parecen depender de una presa en particular, aunque muestran preferencias por ciertos organismos.

Palabras clave

Tritó del Montseny, *metabarcoding*, dieta

Abstract

Metabarcoding Analysis of the Diet of the Montseny Brook Newt (*Calotriton arnoldi*)

Metabarcoding, or massive sequencing of genes present in faeces, has recently been used to study the diet of organisms. The method is ideal in the case of the Montseny brook newt because it is non-invasive. Faeces were collected from 65 specimens and the COX 1 gene was massively sequenced.

Bioinformatic processing allows sequences to be associated with taxonomy. The main components of the diet are insects and salamanders and to a lesser extent oligochaetes, branchiopods and snails. Numerous families of insects are abundantly present in the streams of the upper Tordera basin. The newts are not selective for any particular lineage, although there are three families present in more individuals: diptera, trichoptera and ephemeroptera. In most of the faeces there are remains of more than one prey item and few have single species signal dominance: they do not seem to be dependent on a particular prey item although they do show preferences for certain organisms.

Key words

Montseny brook newt, metabarcoding, diet