



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
INSTITUTO DE ECOLOGÍA
ECOLOGÍA

PROYECTO

**Efectos de la diversidad filogenética de las plantas sobre las comunidades de
artrópodos**

TESIS

POR ARTÍCULO CIENTÍFICO

**Plant phylogenetic diversity influence on arthropod communities in tropical
restoration plantations**

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

FARIDE UGALDE FERNÁNDEZ

TUTORA PRINCIPAL DE TESIS: Dra. Karina Boege Paré

Instituto de Ecología, UNAM Departamento de Ecología Evolutiva, Universidad Nacional Autónoma de México

COMITÉ TUTOR: Dra. Ana Laura Wegier Briuolo

Instituto de Biología, Jardín Botánico, Universidad Nacional Autónoma de México

COMITÉ TUTOR: Dra. Rocío Santos Gally

Instituto de Ecología, UNAM Departamento de Ecología Evolutiva, Universidad Nacional

Autónoma de México

Ciudad de México, noviembre de 2023



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas

Tesis Digitales

Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©

PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

INSTITUTO DE ECOLOGÍA

ECOLOGÍA

PROYECTO

**Efectos de la diversidad filogenética de las plantas sobre las comunidades
de artrópodos**

TESIS

POR ARTÍCULO CIENTÍFICO

**Plant phylogenetic diversity influence on arthropod communities in tropical
restoration plantations**

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

FARIDE UGALDE FERNÁNDEZ

TUTORA PRINCIPAL DE TESIS: Dra. Karina Boege Paré

Instituto de Ecología, UNAM Departamento de Ecología Evolutiva, Universidad Nacional Autónoma de México

COMITÉ TUTOR: Dra. Ana Laura Wegier Briuolo

Instituto de Biología, Jardín Botánico, Universidad Nacional Autónoma de México

COMITÉ TUTOR: Dra. Rocío Santos Gally

Instituto de Ecología, UNAM Departamento de Ecología Evolutiva, Universidad Nacional Autónoma de México

Ciudad de México, noviembre de 2023

COORDINACIÓN GENERAL DE ESTUDIOS DE POSGRADO
COORDINACIÓN DEL POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
ENTIDAD INSTITUTO DE ECOLOGÍA
OFICIO: CGEP/CPCB/ IE /0782/2023
ASUNTO: Oficio de Jurado

M. en C Ivonne Ramírez Wence
Directora General de Administración Escolar, UNAM

P r e s e n t e

Me permito informar a usted que en la reunión ordinaria del Comité Académico del Posgrado en Ciencias Biológicas, celebrada el día **19 de junio del 2023**, se aprobó el siguiente jurado para el examen de grado de **MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** en el campo de conocimiento de **Ecología** de la alumna **UGALDE FERNÁNDEZ FARIDE** con número de cuenta: **414067273** por la modalidad de graduación de **tesis por artículo científico** titulado: **"Plant phylogenetic diversity influence on arthropod communities in tropical restoration plantations"**, que es producto del proyecto realizado en la maestría que lleva por título: **"EFECTOS DE LA DIVERSIDAD FILOGENÉTICA DE LAS PLANTAS SOBRE LAS COMUNIDADES DE ARTRÓPODOS"**, ambos realizados bajo la dirección la **DRA. KARINA BOEGE PARÉ**, quedando integrado de la siguiente manera:

Presidente: DRA. JULIETA BENÍTEZ MALVIDO
Vocal: DR. ZENÓN CANO SANTANA
Vocal: DRA. EK DEL VAL DE GORTARI
Vocal: DR. JUAN ENRIQUE FORNONI AGNELLI
Secretario: DRA. ANA LAURA WEGIER BRIULO

Sin otro particular, me es grato enviarle un cordial saludo.

AT E N T A M E N T E
"POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU"
Ciudad Universitaria, Cd. Mx., a 27 de septiembre de 2023

COORDINADOR DEL PROGRAMA



DR. ADOLFO GERARDO NAVARRO SIGÜENZA

c. c. p. Expediente del alumno

AGNS/ERR/EARR/err



Agradecimientos institucionales

Agradezco al Posgrado en Ciencias Biológicas, UNAM, por permitirme continuar mis estudios a nivel posgrado, donde crecí de manera personal y profesional. Gracias por tantas experiencias y apoyo brindado durante mis estudios.

Este trabajo fue financiado por la Universidad Nacional Autónoma de México (subsidio PAPIIT IN202419 a KB) y CONACyT (ID-133 a RSG).

Agradezco infinitamente a la Dra. Karina Boege Paré por abrirme las puertas al Instituto de Ecología, así como por su invaluable apoyo a lo largo del desarrollo del proyecto y el artículo científico. De igual forma agradezco también a la Dra. Rocío Santos Gally, a la Dra. Ana Laura Wegier Briuolo, por toda su comprensión, empatía y generosidad a lo largo de mi proceso de maestría, los cuales hicieron la diferencia para poder finalizar esta etapa.

Agradecimientos a título personal

Agradezco a mis padres por acompañarme a lo largo de este camino, desde la búsqueda de un tutor y los exámenes de admisión, hasta cuando pudimos celebrar que ya había sido aceptada e iba a iniciar clases. No tengo palabras para describir cuánto los quiero a ambos, este logro es tan mío como lo es suyo, y a pesar de que no pudimos celebrarlo los tres juntos, sé que la satisfacción y felicidad que sentimos trasciende. También agradezco a mi abuela Conchita por cuidarnos a mi papá y a mí, eres una persona fuerte, generosa y resiliente.

Agradezco a mi familia, especialmente a Susana, Ligia, Armando y Titi, por su ayuda, comprensión y escucha, siempre les tendré una eterna gratitud y cariño.

Agradezco a mis amigos, Ramiro, Isaac S., Rodrigo, Fer, Gera, Isaac Z. y Kenny por su apoyo, consuelo, risas y ánimo. También agradezco a mis amigos y compañeros del laboratorio Vero, Paco, Marisol, Ceci y Lina porque sin ustedes no habría logrado ni siquiera correr un script de R. Gracias infinitas por sus comentarios, consejos y por sobre todo las risas, me encantó trabajar en el mismo espacio que ustedes.

Agradezco al jurado evaluador de mi tesis, Dra. Julieta Benítez Malvido, Dr. Zenón Cano Santana, Dra. Ek Del Val De Gortari y al Dr. Juan Enrique Fornoni Agnelli por todo su tiempo y apoyo.

Agradezco al al M. en C. José Rubén Pérez Ishiwara, por su gran apoyo y disposición a lo largo de mi proceso de maestría. Al Técnico Académico Fidel Serrano, por su colaboración al diseñar los mapas de las parcelas de restauración y a Graciela García por su valioso apoyo en el trámite de permisos de colecta.

Agradezco también a Raúl Gutiérrez por la separación, toma de fotografías de las morfoespecies de artrópodos y técnica de extracción de ADN, por tu tiempo y apoyo.

Finalmente agradezco a Javier Pérez por su invaluable apoyo con el desarrollo de los scripts utilizados a lo largo del proyecto.

ÍNDICE

Resumen	9
Abstract	10
Introducción	11
Artículo enviado a revista <i>Biotropica</i>	15
ABSTRACT.....	1
INTRODUCTION	2
METHODS.....	6
Study site	6
Experiment design.....	6
Arthropod sampling	7
Arthropod guild classification	9
Statistical analyses	9
Species richness and diversity and evenness	9
Species composition	10
RESULTS	11
Predators.....	11
Herbivores.....	12
Pollinators and detritivores	12
Species composition	12
DISCUSSION	13
Arthropod abundance	13
Species richness and diversity	14
Predator diversity	14
Herbivore diversity.....	15
Pollinators and Detritivores.....	16
Contrasting morphological vs molecular methods.....	17
CONCLUDING REMARKS	17
TABLES.....	19
Table.1	19
FIGURE LEGENDS	20
ACKNOWLEDGEMENTS	29
4.10 DATA AVAILABILITY STATEMENT	29
4.11 REFERENCES	29
4.13 Appendix 1	37
4.14 SUPPLEMENTARY INFORMATION.....	39
Discusión	44
Resumen de los resultados	44

Aporte general en el campo de ecología de las interacciones planta herbívoro	45
Restauración ecológica considerando la diversidad filogenética de las plantas	46
Restauración en agroecosistemas.....	47
Contraste métodos morfológicos y moleculares y sus implicaciones para la restauración.....	48
Conclusiones	50
Referencias.....	51

Resumen

La diversidad filogenética (PD, por sus siglas en inglés) puede ser una herramienta fundamental en la restauración ecológica, ya que las comunidades con una mayor PD tienen el potencial de respaldar la preservación de redes de interacción biótica, lo que lleva a un aumento en la función ecosistémica. Por otro lado, la PD puede proporcionar información sobre cómo se ensamblan las comunidades y contribuir al funcionamiento del ecosistema, ya que se relaciona con rasgos funcionales, nichos e interacciones ecológicas. La PD en las plantaciones de restauración puede aumentar las dimensiones de la diversidad funcional, los nichos y las interacciones ecológicas, lo que puede aumentar las funciones ecosistémicas, influir y afectar al resto de la red trófica, especialmente con diferentes grupos funcionales de artrópodos. En este estudio, nuestro objetivo fue probar esta hipótesis al examinar cómo responden los grupos funcionales de artrópodos a la diversidad filogenética alta y baja en 12 plantaciones de restauración. Realizamos este estudio dentro de la Reserva de la Biosfera Los Tuxtlas, Veracruz, México, donde se establecieron 12 plantaciones de restauración en una finca ganadera. La mitad de las parcelas tenían una alta diversidad filogenética de plantas (HPD, por sus siglas en inglés), mientras que la otra mitad tenía una baja diversidad filogenética de plantas (LPD, por sus siglas en inglés). Ambos tratamientos representan un total de 42 especies de árboles tropicales. Recopilamos en todas las parcelas especímenes de artrópodos utilizando varios métodos de captura y los categorizamos por tamaño y método de captura. Para identificar las unidades taxonómicas operativas (OTU, por sus siglas en inglés) de los especímenes, empleamos metabarcoding, específicamente la secuenciación del gen COI. En general, nuestro experimento proporcionó evidencia de la influencia positiva de la diversidad filogenética de las plantas en las comunidades de artrópodos. Observamos un impacto significativo en su abundancia y detectamos cambios en la diversidad de especies, especialmente en tre especies comunes y dominantes. Estos hallazgos resaltan la importancia de la selección de especies al diseñar plantaciones de restauración ecológica. Revela que, incluso con el mismo número de especies, los resultados para niveles tróficos superiores pueden variar según las relaciones filogenéticas entre las especies seleccionadas.

Abstract

Phylogenetic diversity (PD) can be a fundamental tool in ecological restoration, because communities with higher PD have the potential to support the preservation of biotic interaction networks, leading to an increase in ecosystemic function. Otherwise, PD can provide information on how communities are assembled and contribute to ecosystem functioning, as it relates to functional traits, niches, and ecological interactions. PD in restoration plantings can increase dimensions of functional diversity, niches, and ecological interactions which can increase ecosystemic functions, influencing and affect the rest of the trophic web, particularly with different arthropod functional groups. In this study, we aim to test this hypothesis by examining how arthropod functional groups responds to high- and low-phylogenetic diversity in 12 restoration plantings. We conducted this study within the Biosphere Reserve Los Tuxtlas, Veracruz, Mexico, where 12 restoration plantings were established in a cattle ranch. Half of the plots had high phylogenetic diversity (HPD), while the other half had low plant phylogenetic diversity (LPD), both treatments represent a total of 42 tropical tree species. We collected arthropod specimens using various capture methods and categorized them by size and capture method. To identify operational taxonomic units (hereafter OTU) of the specimens, we employed metabarcoding, specifically COI gene sequencing. Overall, our experiment provided evidence of the positive influence of plant phylogenetic diversity on arthropod communities. We observed a significant impact on their abundance, and detected changes in species diversity, particularly among common and dominant species. These findings highlight the importance of species selection when designing ecological restoration plantings. It reveals that even with the same number of species, the outcomes for higher trophic levels can vary depending on the phylogenetic relationships among the selected species.

Introducción

La transformación del paisaje debido a los efectos de la agricultura y de la ganadería, afecta a más del 40% de la superficie del planeta, y es la causa más importante de pérdida de biodiversidad y servicios ecosistémicos a nivel mundial (Barral *et al.*, 2015). A lo largo de los últimos 50 años, el suministro de servicios ecosistémicos ha disminuido, incluyendo el control de plagas y polinización (MEA, 2005). Por consiguiente, esto resalta la importancia de encontrar alternativas de manejo para reconciliar la producción agrícola con el mantenimiento o mejoramiento de los niveles de biodiversidad y servicios ecosistémicos (Barral *et al.*, 2015).

Notablemente, los enfoques experimentales se han convertido en el estándar para realizar la evaluación de los méritos de cualquier práctica de conservación (Christie *et al.*, 2020). Sin embargo, los experimentos de campo que comparan estrategias de restauración en agroecosistemas tropicales son escasos (Cooke *et al.*, 2018; Gellie *et al.*, 2018) a pesar de que su restauración ofrece beneficios socio-ecológicos particularmente prometedores relativos al costo de su implementación (Pashkevich *et al.*, 2022). Esta problemática es particularmente desafiante debido a las numerosas estrategias contrastantes que son utilizadas (Benayas y Bullock, 2012), y aún no es claro cuál es la mejor alternativa para lograr recuperar la función de los ecosistemas (Fagan, 2020).

Dentro de estas estrategias, la restauración activa implica acciones como añadir especies de plantas deseadas o modificar el suelo para impulsar el desarrollo de la sucesión secundaria (Barral *et al.*, 2015). Estudios recientes han indicado que las funciones del ecosistema se ven mejoradas cuando la diversidad de las plantas es alta, no exclusivamente el número de especies, sino también en términos genéticos, funcionales y filogenéticos (Navarro-Cano *et al.*, 2016). Así, al guiar esfuerzos de restauración para promover una amplia distribución de atributos dentro de una comunidad que promuevan estrategias de adquisición de recursos más eficientes y una amplia variedad de nichos ecológicos, comunidades funcionalmente diversas en espacios de restauración pueden proveer nichos disponibles con mayor diversidad funcional y un aumento en las interacciones ecológicas (Funk *et al.*, 2008). Esta diversidad de nichos, a su vez, puede generar un uso más eficiente del amplio rango de recursos disponibles por un gran número de especies (; Dinnage *et al.*, 2012; Lind *et al.*, 2015; Navarro-Cano, 2016) y a su vez potencialmente aumentar su contribución a distintas funciones ecológicas. Sin embargo, uno de los retos más importantes es determinar la manera en que las comunidades de plantas se ensamblan y su efecto en interacciones bióticas o conocer la redundancia de diferentes especies en estas comunidades para los procesos de restauración (Verdú *et al.*, 2012). Enfocarse en maximizar la diversificación de nichos para grupos de interés es una de las principales estrategias en la restauración, lo que cambia el foco de conservación de las especies a la de redes ecológicas, ya que éstas últimas son las que garantizan

la integridad y el funcionamiento de los ecosistemas (Wardle *et al.*, 2004; Ohgushi, 2016; Harvey *et al.*, 2017).

Un concepto clave para lograr una maximización de nichos ecológicos en esfuerzos de restauración es el de diversidad filogenética, que es una métrica que permite cuantificar la biodiversidad al tomar como referencia las relaciones evolutivas entre las especies (Rivera-Martínez, 2020), y ha permitido comprender el papel que la historia evolutiva y los atributos de cada especie juegan en los ecosistemas (Lean y McLaurin 2016; Miller *et al.*, 2018; Mazel *et al.*, 2018). A pesar de que los roles de la diversidad filogenética son variados, sus principales usos pueden categorizarse en tres grupos distintos (Lean y McLaurin, 2016). Primero, como una herramienta para la predicción y la explicación de las dinámicas de comunidades y ecosistemas, al considerar a la evolución como un importante factor contribuyente que ayuda a distinguir cómo trabajan estos componentes. De igual forma, la diversidad filogenética ha sido utilizada como sustituto para una gran variedad de características ecológicas. Por ejemplo, al determinar las interacciones entre especies, predecir la cascada de extinciones a través de redes ecológicas y por lo tanto la manera en que estas extinciones impactan la función del ecosistema (Srivastava *et al.*, 2012). Finalmente, la diversidad filogenética también ha sido tomada como una meta de restauración, al ser sumada a herramientas de planeación y conservación (Lean y McLaurin, 2016). Esto resulta fundamental en las estrategias que pretenden recuperar diversos nichos ecológicos y el restablecimiento de interacciones bióticas, como la polinización, la depredación o la herbivoría, mientras a su vez se restaura la funcionalidad ecosistémica, al incluir flujos, bienes y servicios.

Por otro lado, la explícita consideración de interacciones bióticas clave como la polinización, dispersión de semillas, o depredación, pueden incrementar el éxito de la restauración, además de representar un puente entre enfoques basados en la reintroducción de plantas o animales (McAlpine *et al.*, 2016). Particularmente, diferentes gremios de artrópodos que mantienen una relación muy estrecha con comunidades de plantas pueden ser influenciados por mecanismos como: la variación en la calidad y cantidad de tejidos vegetales; la disponibilidad de nichos y refugios propiciados, la fenología de floración, así como las condiciones micro-climáticas que ofrece la arquitectura y estructuras vegetales (Price, 2002; Hertzog, 2017). Importantes cuestiones a considerar incluyen el conocimiento de qué herbívoros específicos que son atraídos a especies particulares de plantas, así como qué depredadores podrán consumirlos. En conjunto, es importante también considerar los efectos que estos grupos de animales tendrán sobre el desarrollo de la comunidad de plantas, por sus efectos directos en la reproducción y desempeño sobre el primer nivel trófico (McAlpine *et al.*, 2016). En este contexto y por el papel fundamental que juegan dentro de los ecosistemas para su función y resiliencia (Peterson *et al.*, 1998; Scherber *et al.*, 2010; Montoya *et al.*, 2012; Cadotte, 2013), los artrópodos representan un excelente grupo modelo para responder a estas importantes interrogantes que surgen a lo largo de ejercicios de restauración.

Esta información resalta la relevancia de la selección de especies al momento de diseñar modelos de restauración ecológica basados en plantaciones, ya que el mismo número de especies con distintas relaciones evolutivas puede propiciar diferentes resultados para los niveles tróficos superiores en función de sus estrategias funcionales y el número de nichos ecológicos que promueven (Navarro-Cano *et al.*, 2016). Las metas de restauración frecuentemente incluyen el recuperar especies que históricamente eran encontradas en la región, pero evaluar la composición funcional y filogenética de las especies y las comunidades históricas puede proporcionar mejores estimados de restauración ecológica (Srivastava *et al.*, 2012). Este potencial va más allá de la reintroducción de una o más especies, ya que puede utilizarse para restaurar las dinámicas de una comunidad y distintos procesos ecosistémicos. No obstante, a pesar de que ha sido frecuentemente confirmado que la diversidad filogenética mejora el funcionamiento de los ecosistemas, los esfuerzos de restauración no han tomado ventaja de este conocimiento (Navarro-Cano *et al.*, 2016). Con base en esto, existe una limitada evidencia experimental que demuestre explícitamente la influencia de la diversidad filogenética de las plantas sobre las comunidades de distintos gremios de artrópodos para poder entender los beneficios tentativos que esto tendría en la restauración ecológica (Novotny *et al.*, 2010; Scherber *et al.*, 2010; Moreira *et al.*, 2016; Kostenko *et al.*, 2017; Vaca-Sánchez *et al.*, 2021) y dado que, al aumentar la diferenciación de nichos mediante la diversidad filogenética, tanto para artrópodos como para plantas puede potencialmente promover la coexistencia de un gran número de especies, esta información se convertiría en una excelente herramienta para restaurar la diversidad taxonómica y funcional (Becerra, 2015; Navarro-Cano *et al.*, 2019).

En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar si la diversidad filogenética de plantas de árboles jóvenes en parcelas de restauración tiene un efecto sobre la diversidad, abundancia y distribución de comunidades de artrópodos de diferentes gremios funcionales. Para ello, se establecieron parcelas de restauración con dos tratamientos de diversidad filogenética vegetal (alta y baja) en las que se utilizaron especies arbóreas de la selva tropical. Se esperaba que las comunidades de plantas filogenéticamente diversas tuvieran comunidades de artrópodos con mayor abundancia y riqueza de especies, en contraste con comunidades de plantas menos diversas. Debido a que tales diferencias tienden a aumentar con el tiempo, gracias a que la variación interespecífica en los rasgos funcionales incrementa a medida que las plantas envejecen, el comparar el efecto de esta diferenciación de nichos para niveles tróficos más altos fue un objetivo particular de este proyecto. A su vez, al evaluar la diversidad de artrópodos mediante el uso de herramientas tanto morfológicas como moleculares, nos permitió apreciar y discutir las ventajas y limitaciones en el uso de cada método.

El estudio se llevó a cabo en el rancho ganadero “Los Amigos” (18°32'56" N 94°59'58" O) ubicado en el municipio de Catemaco, Veracruz, México, dentro de la Reserva de la Biosfera de Los

Tuxtlas. Llanura y región del Golfo de México. La zona tiene un clima cálido húmedo con lluvias invernales prominentes. Las temperaturas medias oscilan entre 24 y 26 °C y la precipitación total oscila entre 2.000 y más de 4.000 (Soto, 2004; Conanp-Semarnat, 2006). La vegetación presente es bosque tropical perennifolio (CONANP, 2006; INEGI, 2010;), pero con un alto grado de fragmentación dentro de una matriz de agricultura y pastos inducidos para campos ganaderos, y áreas con vegetación secundaria (Von Thaden *et al.*, 2018). Con las prácticas agropecuarias en Los Tuxtlas, las áreas de bosque han sufrido un proceso de transformación cuyo resultado es un paisaje heterogéneo caracterizado por mosaicos de remanentes de bosque y campos de cultivo inmersos en grandes extensiones de pastizales utilizados como potreros. Particularmente, el rancho ganadero ha extendido áreas de pastizales y remanentes de bosques húmedos tropicales circundantes.

Plant phylogenetic diversity influence on arthropod communities in tropical restoration plantations

Artículo enviado a revista *Biotropica*

Title: Plant phylogenetic diversity influences arthropod communities in tropical restoration plantations

Authors: Faride Ugalde^{1,2}, Rocío Santos-Gally^{1,3}, Rubén Pérez-Ishiwara¹, Nancy Gálvez-Reyes¹, Ana Wegier⁴ and Karina Boege^{1*}

Affiliations

¹ Instituto de Ecología, Departamento de Ecología Evolutiva, Universidad Nacional Autónoma de México C.P. 04510 Mexico City, Mexico.

² Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México, C.P. 04510 Mexico City, Mexico.

³ CONAHCYT-Instituto de Ecología, Departamento de Ecología Evolutiva, Universidad Nacional Autónoma de México C.P. 04510 Mexico City, Mexico.

⁴ Instituto de Biología, Jardín Botánico, Universidad Nacional Autónoma de México C.P. 04510 Mexico City, Mexico.

Running head: Arthropods and plant phylogenetic diversity.

Submission and Acceptance Dates:

Received: ; Revised: (optional); Accepted:

ABSTRACT

The concept of phylogenetic diversity can be a fundamental tool in ecological restoration, because communities with greater evolutionary overdispersion have the potential to support the preservation of larger species-interaction networks, leading to an increase in ecosystemic function. Moreover, as it relates to the diversity of functional traits and ecological niches, phylogenetic diversity of plants is likely to influence the rest of the trophic web, particularly influencing different arthropod functional groups. In this study, we assessed how arthropod communities were affected by phylogenetic diversity of tropical tree species. We performed an experiment in which 12 restoration plots (15×15m) were established either with high or low plant phylogenetic diversity while maintaining the same number of planted species. After one and three years of planting, we collected arthropod specimens with different feeding habits (herbivores, predators, pollinators, and detritivores) utilizing color pan traps, Van Someren-Rydon traps, sweep nets, manual surveys and pitfall traps. Arthropods were identified to morphospecies and/or as operational taxonomic units using metabarcoding techniques. Overall, we provide evidence of the positive influence of plant phylogenetic diversity on arthropod abundance and species diversity, which augmented their incidence within the high phylogenetic diversity treatment. These findings highlight the importance of considering not only species richness, but also their evolutionary histories when designing ecological restoration strategies, given that using the same number of plant species can result in different outcomes for higher trophic levels, as a function of the phylogenetic relationships within plant communities.

Keywords: Arthropods, ecosystemic functions, phylogeny, herbivores, predators, pollinators, trophic webs.

INTRODUCTION

The concept of phylogenetic diversity has enhanced our understanding of how the evolutionary history of species, along with its associated functional diversity, influences communities and ecosystems. Hence, it represents a fundamental tool for ecological restoration, as the conservation and/or recovery of plant phylogenetic diversity in natural and managed environments can promote the maintenance of trophic interaction networks based on biotic interactions such as pollination, predation or herbivory (Srivastava *et al.*, 2012). This is particularly significant considering the current global scenario in which nearly 35 % of the original vegetation on cover forests has been lost in the world (Watson *et al.*, 2018), alongside the decline of vertebrate and insect populations (Dirzo *et al.*, 2014) and the endangered status of numerous tree species, particularly in the tropics (Steege *et al.*, 2015).

Numerous ecological restoration efforts have underscored the relevance of employing native species with diverse ecological strategies. For instance, fast-growing rates (Funk *et al.*, 2008) or animal dispersal syndromes (Ozinga *et al.*, 2005; Martínez-Garza *et al.*, 2013) have been proven to be valuable traits for restoring specific ecosystem functions. Additionally, certain experiments have highlighted the benefits of incorporating high genetic variation within species (Moreira *et al.* 2016) and have advocated for the use of polycultures instead of monocultures to enhance plant survival and growth in restoration and commercial plantings (Jactel *et al.* 2021). However, an area that remains relatively unexplored relates to the influence of evolutionary history and functional diversity of plant communities on the success of restoration efforts aimed at recovering diverse ecological niches and the reestablishment of species interaction networks (Verdú *et al.* 2012).

Because estimates of phylogenetic diversity can be linked to the diversity of functional traits, ecological niches and biotic interactions (Webb *et al.*, 2002, Cavender-Bares *et al.*, 2011; Chaves *et al.*, 2021), the increasing availability of information on phylogenetic diversity holds potential to serve as a tool to guide ecological restoration strategies. Particularly, it can provide information on how communities are assembled and contribute with ecosystem function, depending

on the species re-introduced from a regional species pool (Verdú *et al.*, 2012). Whereas closely related species in clustered communities tend to share functional traits and ecological niches, more widely dispersed phylogenetic communities with independent evolutionary histories have a wider variation in functional traits, capturing different relevant aspects for ecosystem functioning (Srivastava, 2012). Thus, more phylogenetically diverse communities in restoration plantings could provide increased dimensions of functional diversity and ecological niches, leading to a more efficient utilization of available resources by a greater number of coexisting species (Dinnage *et al.*, 2012; Navarro-Cano, 2016). Consequently, this could increase ecosystemic functions such as carbon, nitrogen, and phosphorus cycling (Le Bagousse-Pinguet *et al.*, 2019), primary productivity (Crutsinger *et al.*, 2008), decomposition rates (Schweitzer *et al.*, 2018), invasion resistance (Crutsinger *et al.*, 2008) and resilience to disturbances (Rykiel, 1985) and climate change (Srivastava, 2012; Navarro-Cano *et al.*, 2016, Chavez *et al.*, 2021).

The diversity of resources provided by plant traits, many of which exhibit significant phylogenetic signals (Srivastava, 2012), can influence the rest of the trophic web through various mechanisms. These mechanisms include variations in the quality and quantity of plant tissues available to herbivores and pollinators, the availability of niches and refuges, and the microclimatic conditions resulting from specific plant architectures (Price, 2002). All these factors, ultimately impact the survival and performance of higher trophic levels, particularly of different arthropod functional groups including herbivores, pollinators, predators, and decomposers. In particular, variation in food resources (i.e., leaves, stems, flowers, seeds, fruits, roots, as well as bark and wood) at both intra- and interspecific levels can have profound impact on the performance of herbivores and pollinators (Price, 2002). Additionally, the quality and availability of refuges can directly affect the abundance and diversity of these arthropods (Navarro-Cano *et al.*, 2019), influencing their predation rates. Moreover, different plant assemblages can also vary in their associated holobiomes, particularly in their rhizospheres, potentially influencing organic matter decomposition rates (Schweitzer *et al.*, 2018; Navarro-Cano, 2019). Hence, arthropods from

different guilds represent an excellent model group to assess the impacts of restoration efforts due to their sensitivity to ecological changes at small scales (Maleque *et al.*, 2009), and given their role in ecosystems as primary and secondary consumers, and detritivores (Scherber *et al.*, 2010).

The influence of plant phylogenetic diversity on different arthropod guilds is expected to vary as plant communities age, given that numerous functional traits change throughout plant development, including plant reproductive traits and anti-herbivore defenses (Ochoa, *et al.*, 2015). Thus, the various stages of development of plant communities could cause changes in trait differentiation among plant species, and in turn may influence tri-trophic interactions between plants, herbivores and their natural enemies, depending on their predation risk, specialization degree on particular resources and foraging strategies (Boege and Marquis, 2005). various stages of development of plant communities.

The relevance of plant phylogenetic diversity has been extensively documented in various ecological contexts, including nurse-plant interactions (Navarro-Cano, *et al.*, 2017; Navarro- Cano, *et al.*, 2019), soil erosion control (Bochet *et al.*, 2000) and the spread of pest and pathogens (Gilbert & Webb, 2007). Nonetheless, there is limited experimental evidence on the relationship between phylogenetic distance among plant species and arthropod communities. Particularly, this experimental gap is highlighted in highly diverse ecosystems such as tropical forests (Scherber, *et al.*, 2010; Moreira, *et al.*, 2016; Vaca-Sánchez, *et al.*, 2021), which are crucial for comprehending community's assemblages during ecological restauration efforts (Navarro-Cano, *et al.*, 2019).

In this study, we assessed the impact of phylogenetic distance among plant species in restoration plantings on the diversity and abundance of various arthropod guilds. To accomplish this, we established restoration plots using tropical rainforest trees and implemented two treatments: low phylogenetic diversity (LPD), consisting in communities of closely related species, and high phylogenetic diversity (HPD), comprising communities of phylogenetically over-dispersed species. Given the relationship between plant structural complexity and the number of ecological niches, we expected that phylogenetically over-dispersed plant communities, likely with greater morphological

and functional diversity (Webb *et al.*, 2002), would exhibit arthropod communities with higher abundance and species richness than phylogenetically clustered plant communities. We anticipated that these differences would intensify over time as plants matured, given an increased interspecific variation in functional traits, including enhanced anti-herbivore defenses and more complex architectures, as plants age (Boege and Marquis 2005).

METHODS

Study site

The study was conducted within the Biosphere Reserve Los Tuxtlas (18°32'56" N 94°59'58" W), Veracruz, México. The climate in this area is warm and humid with mean temperatures ranging from 24 to 26°C, and total precipitation ranging from 2,000 to 4,000 mm (Soto, 2004). The vegetation in this region consists of an evergreen tropical forest which exhibits a high level of fragmentation within an agricultural matrix. This matrix includes agriculture and established pastures for cattle-ranching, areas with secondary vegetation, and remnants of primary forest (Von Thaden *et al.*, 2018).

Experiment design

In September 2018, we established 12 restoration plantings (15 × 15 m) with an overall 30 cm planting spacing, and a 50 m distance between each parcel, within “Los Amigos” cattle ranch (18°32'56" N 94°59'58" W). The ranch has induced grasslands surrounded by remnants of tropical wet forest (Supplementary information Fig. S1). To manipulate the phylogenetic diversity of the experimental plant assemblages, we used a total of 42 tropical tree species, considering their life history and its proclivity to be pioneers or non-pioneers. In half of the plots, we established plantings with high phylogenetic diversity (HPD), incorporating 27 phylogenetically diverse species from 23 families, in the regional pool species' phylogeny. In the remaining plots, we established plantings with low plant phylogenetic diversity (LPD), with 27 species from 10 families, phylogenetically clustered with more recent common ancestors (Supporting information Table S1). To assess the level of phylogenetic relatedness within each treatment, we reconstructed a

phylogeny with the 290 tree species in the regional pool, using the global angiosperm phylogeny (GBOTB.extended.tre) in V.PhylMaker (Jin and Qian, 2019). We first calculated the mean pairwise distance among the species within each treatment (MPD). This measure quantifies the average relatedness between pairs of species in a community (Webb *et al.*, 2002). Subsequently, we calculated a standardized index of this measure (SES.MPD), which was compared to 1000 null assemblages generated from a subset of species from the regional species pool. The SES.MPD values for the LPD plots were negative (≥ -4.5), indicating that the mean pairwise distance was more clustered compared to the null assemblages. In contrast, the MPD values for the species in the HDP plots were always positive (≥ 1.8), indicating phylogenetic overdispersion relative to the null assemblages. We used the ape (Paradis *et al.*, 2004) and picante (Kembel *et al.*, 2010) packages in R 3.3.0 (R Development CoreTeam 2021). Depending on plant survival within each plot, there were between 15–19 non-pioneer species and 10–12 pioneer species in each treatment.

Arthropod sampling

In September of 2019 and 2021, we quantified arthropods within the experimental plots, using different methods for each arthropod guild. To capture pollinators attracted to certain spectrums of light, we employed pan traps consisting of three plastic containers painted in the colors blue, yellow and white, filled with 200 mL soapy water. Two sets of traps were placed at each plot, one in the middle of the upper right quadrant and the other at the plot's center. To collect lepidopteran adults, we placed one Van Someren-Rydon trap at the center of the plot, using a mixture of pineapple fermented with beer as bait. Herbivores and predators were gathered from sapling canopies and surrounding vegetation. We used sweep nets and conducted manual surveys along four perpendicular transects located every two meters across the whole plot length, with one stroke per step taken and sampling every plant along the transect. For detritivores and other crawling arthropods, we used pitfall traps consisting of a plastic container of approximately 20cm with 70% undenatured ethanol. Thus, two pitfall traps were used inside the plot placed both in the center and in the lower left corner of the lower left quadrant. All arthropod traps were monitored for 72 hours

and subsequently removed and specimens stored with 70% undenatured ethanol, except for the Van Someren-Rydon traps, which were left in place for only 24 hours to reduce damage of adult Lepidoptera specimens. These specimens were frozen and stored in glassine paper bags.

We sorted all collected organisms according to their order, family and when possible, by genus and species. When taxonomic identification was not feasible, we assigned specimens to morphospecies. Two groups were sorted out per plot: i) pollinators (specimens collected with color and Van Someren-Rydon traps) and ii) crawling arthropods (specimens collected from pitfall traps, manual surveys and sweep nets). For the molecular analyses, for each previous group per plot a piece or a complete specimen was placed in a falcon tube, sorting them in different falcon tubes according to their size following Gálvez-Reyes *et al.* (2021) criteria: small (< 3 mm), medium (≥ 3 mm and ≤ 15 mm) and finally large organisms (> 15 mm). Entire bodies were used for small arthropods, while medium-sized arthropods were divided into the thorax (including the head), and for large arthropods only two legs were selected. We extracted DNA from the mix of all arthropods in each size category and group to later perform metabarcoding (i.e. sensu Yu *et al.*, 2012), following a modified protocol by Galvez-Reyes, *et al.* (2021) using a DNeasy® Blood and Tissue Kit (Qiagen). We used the primers B_F 5' CCIGAYATRGCTTCCICG 3' (Shokralla *et al.*, 2015) and Fol-degen-R 5' TANACYTCNGGRTGNCCRAARAAYCA 3' (Yu *et al.*, 2012) to amplify a 418-base pair region located at the 5' end of the mitochondrial COI gene. This region is part of the standard barcode region for metazoan. For metabarcoding library construction, each sample (n = 104) was performed and pooled together with equimolar amounts depending on the specified grouping (pollinators or crawling arthropods), thus the final number of libraries retrieved was 60 (one library per sample). DNA samples and negative control were sequenced on a lane of Illumina Miseq 2 × 300 bp at the Illumina (RTL Genomics). Details of bioinformatic read processing is described in the Supplementary information A1.

Arthropod guild classification

Following the morphospecies and molecular identification processes, we performed a guild classification by initially seeking ecological information available at the most specific taxonomic level on digital web resources such as Naturalista or article guides, ranging from species to genus and families. Based on feeding habits, we categorized organisms that consumed any plant part (including seeds) as herbivores, with the exception of adult Lepidoptera specimens and other floral visitors, which were classified as pollinators. Organisms displaying predatory behavior or acting as parasitoids were classified as predators, and those involved in the consumption of decomposing organic matter or associated with the cycling of soil nutrients were categorized as detritivores. Organisms that defied classification were excluded from subsequent analyses.

Statistical analyses

To compare the abundance of arthropods between HPD and LPD treatments, after testing for data normality, we employed linear mixed models using the lme function of the statistical software R 4.1.1 (R Core Team, 2021). To account for spatial landscape heterogeneity, we paired closely located plots, one from each treatment. The model incorporated arthropod abundance as the response variable, phylogenetic diversity treatment as a fixed explanatory variable and block as random variable. Additionally, to account for the repeated measures of both censuses conducted on the same plots across two years, we included year into the model as a random variable. We performed one analysis to assess the abundance of all arthropods, and subsequently conducted a separate analysis to assess treatment differences in the abundance of each individual guild. Furthermore, we performed a Post hoc power analysis with the help of the program G*power (Faul, et al., 2007) utilizing the function f test, ANOVA: repeated measures between factors, which led to a power ($1-\beta$ err prob) of 0.5161.

Species richness and diversity and evenness

To analyze species richness and diversity of the different arthropod guilds within each treatment, we first created two matrices: one including the abundance of all morphospecies, and another with the presence or absence of molecularly identified OTU in plots from each treatment. We calculated sample completeness curves, plotting the sample coverage with respect to double the reference sample size, with an associated bootstrap method to obtain 95% confidence intervals (Hsieh *et al.*, 2016). We further calculated species richness and diversity with rarefaction extrapolated curves of Hill numbers, which are a mathematically unified family of diversity indices (q) that incorporate relative abundance and species richness to depict the effective number of species within a sample (Chao *et al.*, 2014). We used INEXT package (Hsieh *et al.*, 2016; Chao *et al.*, 2020), in R to calculate three measures of Hill numbers: $q = 0$, which represents species richness considering all species regardless of their abundances; $q = 1$, corresponding to the exponential of Shannon's entropy index, commonly known as Shannon diversity and can be interpreted as the effective number of "common" species; and $q = 2$, the inverse of Simpson's concentration index, which relates to the effective number of dominant species (Chao *et al.* 2014). We estimated Hill numbers for each treatment and year for all arthropods, as well as for each of the four guilds, using both morphospecies and OTU independently. We used "Abundance" data type was used for morphospecies and "incidence raw" for OTU. For each diversity measure INEXT uses the observed sample of individuals to compute diversity estimates and the associated 95% (default) confidence intervals, guaranteeing a significant difference at a level of 5% if they do not overlap (Hsieh *et al.*, 2016; Chao *et al.*, 2020). To assess species evenness in both phylogenetic diversity treatments and between years, we calculated rank abundance curves using the program GraphPad Prism on log10 transformed morphospecies abundance data.

251 *Species composition*

252 We used abundance and presence/absence matrices of morphospecies and OTU respectively to
253 evaluate the differences in species composition of arthropod communities between treatments and
254 years, with a multi-dimensional non- metric scaling (NMDS) using the function metaMDS from the
255 R package vegan, using Bray- Curtis index to calculate the distance between each of the treatment's
256 and year's communities. To assess differences in species composition among treatments and years,
257 a permutational multivariate analysis was performed by the function *adonis*.

RESULTS

We collected a total of 6,617 organisms representing 17 orders, 83 families, 75 subfamilies, 108 genera and 553 morphospecies. Among these, 201 were identified to the species level using the metabarcoding information (Supplementary Information, Table S2, A2). The most abundant orders where overall Hemiptera (270), Hymenoptera (269), Araneae (193), Coleoptera (189) and Orthoptera (183). For Abundance of all arthropods was almost two-fold in HPD (N = 4264) than in LPD (N = 2365) plots, particularly during the second sampling ($F = 0.037$, $p < 0.05$; Table 1, Fig.1). Predators were the most abundant guild, followed by herbivores, pollinators and detritivores (Table 1).

Sample completeness curves showed that sampling in both treatments and years reached a stabilized state, fulfilling the criteria established by Chao (2020). Rarefaction extrapolated curves showed similar morphospecies richness of all arthropods for both treatments in 2019 and 2021 (Fig. 2a, $q = 0$). Interestingly, we observed a reduction of the effective number of common (Fig. 2a $q = 1$) and dominant morphospecies (Fig. 2a $q = 2$) from 2019 to 2021. When comparing species identified with molecular data (OTU), the three levels of diversity were greater in 2019 than in 2021, with no differences between treatments (Fig. 2b).

Rank abundance graphics suggest changes in evenness within both experimental treatments from 2019 to 2021. During the first census in 2019, both treatments exhibited similar abundance of dominant species, with curves with comparable steepness (Fig. 3). By 2021, HPD had highest dominance value for its top ranked species, resulting in a steeper rank abundance curve. On the contrary, LPD plots displayed a more staggered pattern, indicating greater evenness among less dominant morphospecies (Fig. 3).

Predators

Rarefaction curves of predators indicated that morphospecies richness was higher in 2019 compared to 2021 for all levels of diversity (Fig.4a). Interestingly, only in 2019 we observed greater effective

number of common ($q = 1$) and dominant ($q = 2$) morphospecies in the LPD compared to HPD plots. However, in terms of OTU, no difference in the effective number of predator species ($q = 0$, $q = 1$, $q = 2$) was found between treatments and years.

Herbivores

The effective number of total herbivores morphospecies did not differ significantly between treatments ($q = 0$; Fig. 5a). However, in 2021 we observed a slight differentiation in HPD plots, with a reduced number of common and dominant morphospecies compared to LPD plots (Fig. 5a, $q = 1$; $q = 2$). Surprisingly, the patterns were quite different for herbivore OTU, as morphospecies richness ($q = 0$) was higher in 2021 compared to 2019 in both treatments. Additionally, for the three Hill indexes, HPD plots in 2021 exhibited greater diversity values compared to LPD plots in 2019 (Fig. 5b).

Pollinators and detritivores

Morphospecies richness of pollinators in LPD plots was higher compared to HPD plots in 2019 (Fig. 6a, $q = 0$), although these differences were not evident for common and dominant species (Fig. 6a, $q = 1$; $q = 2$). For OTU, however, the three numbers of Hills did not differ between treatments or years (Fig. 6b). It's worth noting that the rarefaction curves for order $q \geq 1$ did not reach a stabilized state. As a result, this estimator only represents a lower bound, indicating that there were unregistered rare species (Fig. 6a; Chao *et al.*, 2020). Last, we did not find any significant difference among morphospecies of OTU corresponding to arthropods with detritivores feeding habits (Supplementary Information Fig. S3).

Species composition

Arthropod species assemblages changed over the course of two years Permanova: ($R^2 = 0.98$, $p = 0.001$), for both morphospecies and OTU. Although each treatment didn't exhibit differences within each other, the NMDS graphic suggests that communities started to be less alike in 2021 than they were in 2019, at least for the morphospecies data (Fig. 7).

DISCUSSION

Plant phylogenetic diversity had various effects on arthropod community assemblages, particularly on their abundance and the number of common and dominant species within certain functional guilds. Specifically, we found a notable increase in predator and herbivore abundance in plots with phylogenetically over-dispersed plant species (HPD plots), which also exhibit a higher evenness of morphospecies, compared to plots with phylogenetically clustered species (LPD plots). Moreover, we noticed a decline in the effective number of common and dominant morphospecies over time, irrespective of the phylogenetic diversity treatments. The only significant differences between treatments were found for herbivore and pollinators, although the patterns for morphospecies differed from those using OTU. Regarding species composition in all arthropod communities, we observed a distinct variation between sampling years but not between treatments, although there was greater variation among morphospecies in 2021, suggesting the initial of the differentiation of arthropod communities between the treatments.

Arthropod abundance

The increased arthropod abundance found in plots with phylogenetically over-dispersed plant species (HPD), compared to communities with clustered species (LPD), provides support for the Plant Species Richness Hypothesis. This hypothesis suggests that higher plant phylogenetic diversity should promote increased availability of resources, niches, shelter, and microenvironments, potentially facilitating the colonization by a greater number of organisms of higher trophic levels (Egorov *et al.*, 2017). Previous studies have also demonstrated a positive response of arthropod communities to a gradient of plant species diversity in terms of abundance and species richness. For instance, Dinnage, *et al.* (2012) report that the influence of evolutionary history of plants communities on arthropods becomes more pronounced when phylogenetic diversity is high, explaining predator, parasitoid and herbivore richness. Similarly, Staab *et al.* (2021), describe that increasing phylogenetic diversity of trees led to higher species diversity of

predatory arthropods, but decreased the diversity of herbivorous arthropods. Other studies have also reported that phylogenetic diversity of woody plants can positively impact the biomass and abundance of herbivores and predators (Schuldt *et al.*, 2014; Staab *et al.*, 2016.) Our study contributes to the limited experimental evidence available on the positive influence of phylogenetic diversity of tropical trees on higher trophic levels, suggesting a strong bottom-up control, likely driven by increased resource diversity (Dinnage *et al.*, 2012; Egorov *et al.*, 2017), on functionally important herbivores and their natural enemies, mediated by the evolutionary history of plants.

Species richness and diversity

Our results indicated an overall decrease in the effective number of common and dominant morphospecies from 2019 to 2021, even though both treatments had the same number of total arthropod morphospecies across both censuses. This suggests that experimental plantings were initially dominated by a group of common and dominant species in 2019, and that rarer species gradually colonized the restoration plantings over the two-year study period. This trend was supported by the rank accumulation species curves, which showed an increase in evenness from 2019 to 2021, especially in HDP plots (Fig. 3). We propose the following mechanisms to explain the observed patterns: i) species that rely on herbaceous plants may have been lost during the transition from herbaceous to woody plant dominance in the restoration plots, leading to a reduced number of common and abundant species capable of colonize and persist in the area and/or ii) specialist species associated with the planted seedlings may have gradually colonized the experimental plots over time. The relationship between arthropod composition and plant succession in grasslands have been explored in various studies. For example, Pérez-Moreno *et al.* (2016) found an increase in arthropod diversity along a successional gradient from grasslands to secondary forests.

Predator diversity

Previous studies have reported varying effects of plant diversity on predators, depending on the specific system and the level of plant diversity being studied. Some studies have shown no effects (Schuldt *et al.*, 2012, Moreira *et al.*, 2016), while others have found a positive impact of plant species richness on the spatial and temporal dynamics of predator assemblages (Haddad *et al.*, 2011). Because most studies have primarily focused on plant species diversity, the range of trait variation among genotypes within a species may not be sufficient to influence higher trophic levels. In contrast, phylogenetic diversity may provide a wider range of structural and functional plant traits influencing predators (Staab *et al.*, 2016, 2020). In our study, we showed that in 2019, lower plant phylogenetic diversity promoted a greater number of common and dominant predator morphospecies compared to planting with high phylogenetic diversity, although this effect disappeared by 2021 (Fig. 4). This may be attributed to the increase in plant biomass and diversity of habitats over time in both treatments, as plants grew and aged, becoming structurally more complex. The greater variation in plant architecture and productivity associated with structurally complex plant communities can propagate through the food web, providing attractive resources for predators, and thereby increasing their abundance and richness (Haddad 2001; Funk *et al.*, 2008; Abdala *et al.*, 2015).

Herbivore diversity

Recruitment of herbivores to plant patches largely depends on the relative density of target and nontarget plant species (Moreira *et al.*, 2016), which influences the availability and quality of their food plants (Scherber, 2010). However, the effects of such factors may vary depending on herbivore's diet breadth. Generalist herbivores tend to be the least responsive to variation in plant diversity and can benefit from mixed diets (Dinnage, 2012). In contrast, specialist herbivores tend to be associated with host plants sharing similar functional and phylogenetic traits, such as leaf nitrogen content and particular secondary metabolites (Moreira *et al.*, 2016). In our study, whereas the total number of herbivores morphospecies had no significant differences between treatments

and sampling dates, we observed a slight decrease in the effective number of common and dominant morphospecies in the HDP censused in 2021, suggesting the arrival of rare, probably specialist species. When analyzing OTU however, we found increased levels of diversity from 2021 to 2019, particularly in the HDP plots (Fig. 5), suggesting that both common and rarer species benefited from a greater functional and structural diversity. Further studies should investigate the degree of specialization in herbivore communities colonizing our experimental plots and assess if different morphospecies correspond to several stages from the same OTU, to sort out the discrepancies of the two assessments of herbivore diversity (by morphospecies vs OTU). Nevertheless, both methods highlight the relevance of considering functional and phylogenetic traits to understand the dynamics of plant-herbivore interactions.

Pollinators and Detritivores

Pollinators represent a specialized group that depends on the availability of floral resources, and their presence is limited by plant phenology and ontogeny (Haddad *et al.*, 2009, Junker *et al.*, 2015). Because in this study most saplings and young trees had not yet flowered, the experimental plots had limited resources for pollinators, resulting in no differences between treatments. Hence, the effects of plant phylogenetic diversity are expected to be more apparent in later stages of community succession, when most plants reach maturity, exhibiting a wider range of pollination syndromes and floral phenologies that influence pollinators (Junker *et al.*, 2015). For this guild, genetic diversity within plant species is also important, as it increases heterogeneity in blooming periods, as well as the quantity and quality of floral resources available for pollinators (Gilpin *et al.*, 2022).

Because detritivores are generalist organisms largely controlled by productivity processes and not plant diversity or animal species identity *per se* (Cook-Patton *et al.*, 2011), it is not surprising that we found no differences in species richness and diversity between treatments for this guild. However, the interactive effects of plant holobiomes with soil properties, associated with

changes in root production or exudates, microbiomes and the amount of dead biomass and of litter input, are likely to change between treatments over longer periods, and subsequently influence arthropod detritivore communities (Scherber *et al.*, 2010).

Contrasting morphological vs molecular methods.

The association of the molecular data and the taxonomic identification of specimens can enable better-informed ecological analyses when surveying diverse and unknown arthropod communities. Whereas sorting morphological samples allows the quantification of the relative abundance of species, their functional diversity, and the assessment of different biological indexes (Fusheng, 2021), molecular data can resolve phenotypic variation associated with different developmental stages and/or polymorphisms of the same species, a constraint for an accurate discrimination of species. We were able to obtain significant information from both methods, nonetheless, with some disparities on the observed trends for some guilds, as has been also found in other studies (Serrana *et al.*, 2019, Martoni *et al.*, 2021). Such disparities could be related to the phenotypic variation of different instars of the same species, representing ecological and functional diversity of the collected individuals, information that is lost when using molecular species identification. This is particularly relevant for species changing guilds as they develop, such as lepidopteran individuals, and by the lack of DNA sequences in public databases, particularly in poorly studied and megadiverse communities such as tropical forests. Hence, although DNA metabarcoding can supplement biodiversity monitoring methods (Fusheng, 2021), considering alternative methodologies is always important.

CONCLUDING REMARKS

We present experimental evidence regarding the impact of plant phylogenetic diversity on arthropod communities, demonstrating its significant influence on their abundance, and the diversity of common and dominant species. This information highlights the importance of species selection when designing ecological restoration plantings, as the outcomes for higher trophic levels

can vary depending on the phylogenetic relationships of the selected species, even when the number of species is the same. Based on this evidence, we propose that the design of restoration plantings should include not only consider species diversity, but also include over-dispersed species within the phylogenies of regional species pool.

TABLES

Table.1 Total abundance obtained by the morphological samples for each of the six guilds. Mean values and SD are shown.

	Abundance	Mean	SD	Abundance	Mean	SD
	HPD			LPD		
Predators	2571	214.25	201.18	1689	140.75	120.42
Herbivores	1889	157.41	155.65	1924	160.33	19.16
Detritivores	198	16.5	18.72	184	15.33	235.4
Pollinators	281	23.41	31.6	381	31.75	38

FIGURE LEGENDS

Fig. 1. Absolute abundance per year and treatment for plots with High (HPD) and Low (LPD)

Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021. Mean, median and standard error bars are shown (± 1 SE) ($p < 0.05$).

Fig. 2. Diversity Hill indices of arthropods a) morphospecies and b) OTU. Sample-size based (solid line segments) and extrapolation (dotted line segments) sampling curves with 95% confidence intervals (shaded areas) for High (HPD) and Low (LPD) Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021. The three orders of q correspond to the effective number of total species ($q=0$), common species ($q=1$) and dominant species ($q=2$).

Fig.3 Rank abundance curves for morphospecies transformed into log10, for High (HPD) and Low (LPD) Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021.

Fig. 4. Diversity Hill indices of predators a) morphospecies and b) OTU. Sample-size based (solid line segments) and extrapolation (dotted line segments) sampling curves with 95% confidence intervals (shaded areas) for High (HPD) and Low (LPD) Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021. The three orders of q correspond to the effective number of total species ($q=0$), common species ($q=1$) and dominant species ($q=2$).

Fig. 5 Diversity Hill indices of herbivores a) morphospecies and b) OTU. Sample-size based (solid line segments) and extrapolation (dotted line segments) sampling curves with 95% confidence intervals (shaded areas) for High (HPD) and Low (LPD) Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021. The three orders of q correspond to the effective number of total species ($q=0$), common species ($q=1$) and dominant species ($q=2$).

Fig. 6. Diversity Hill indices of pollinators a) morphospecies and b) OTU. Sample-size based (solid line

segments) and extrapolation (dotted line segments) sampling curves with 95% confidence intervals (shaded areas) for High (HPD) and Low (LPD) Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021. The three orders of q correspond to the effective number of total species ($q=0$), common species ($q=1$) and dominant species ($q=2$).

Fig.7. Ordination NMDS diagram for High (HPD) and Low (LPD) Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021 for a) morphospecies and b) OTU. Ellipses indicate the ordination with significant grouping for year with the PERMANOVA test.

Figure 1.

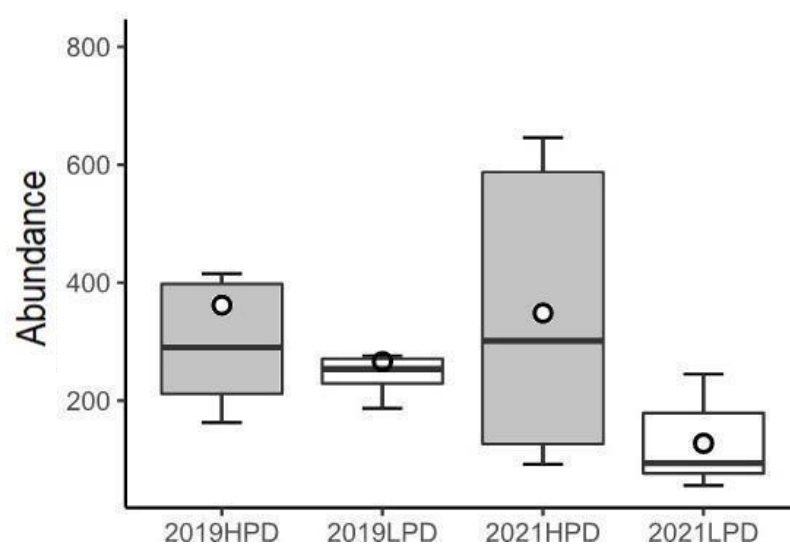


Figure 2.

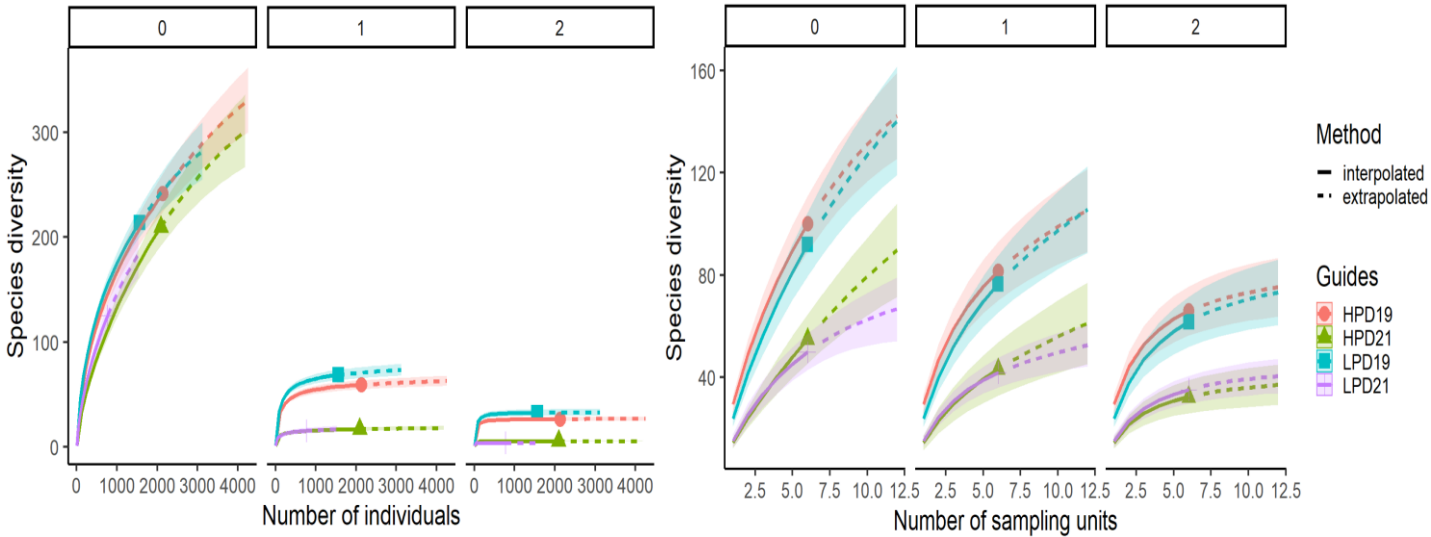


Figure 3.

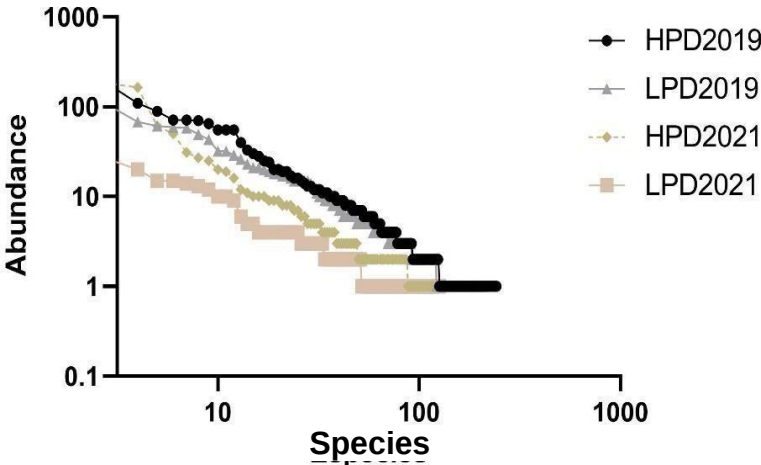


Figure 4.

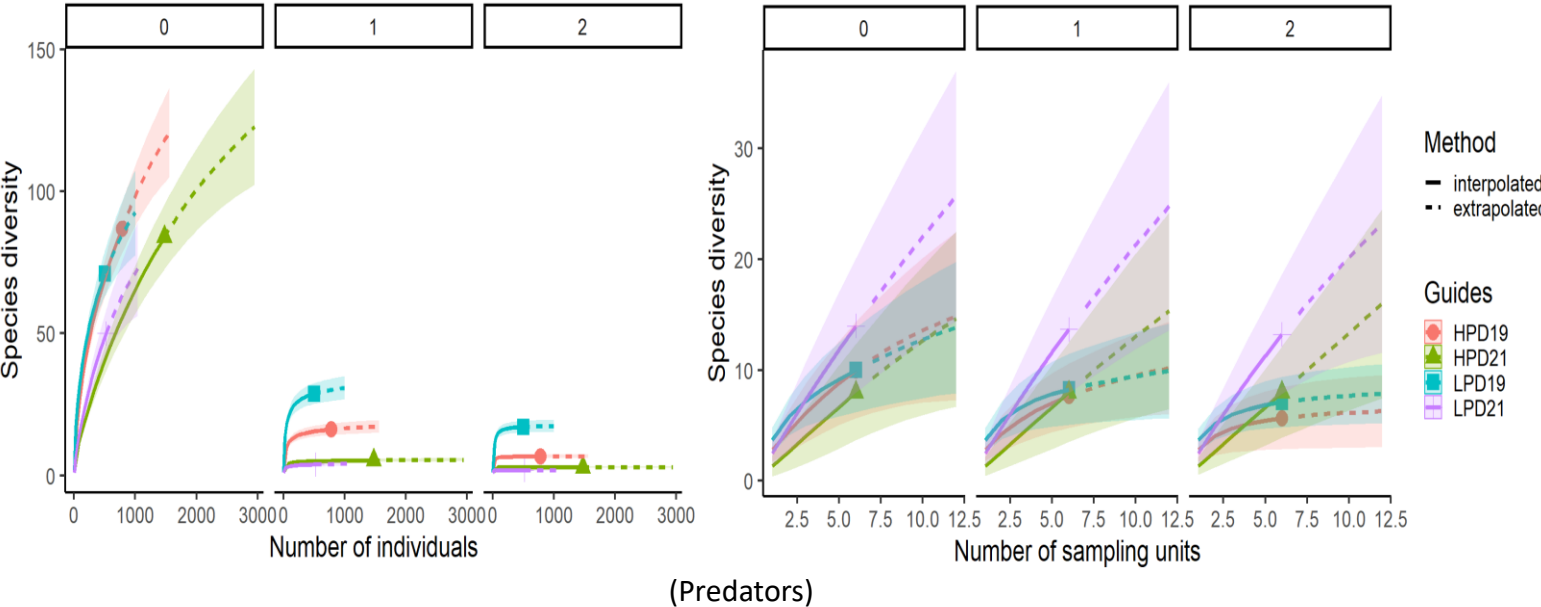


Figure 5.

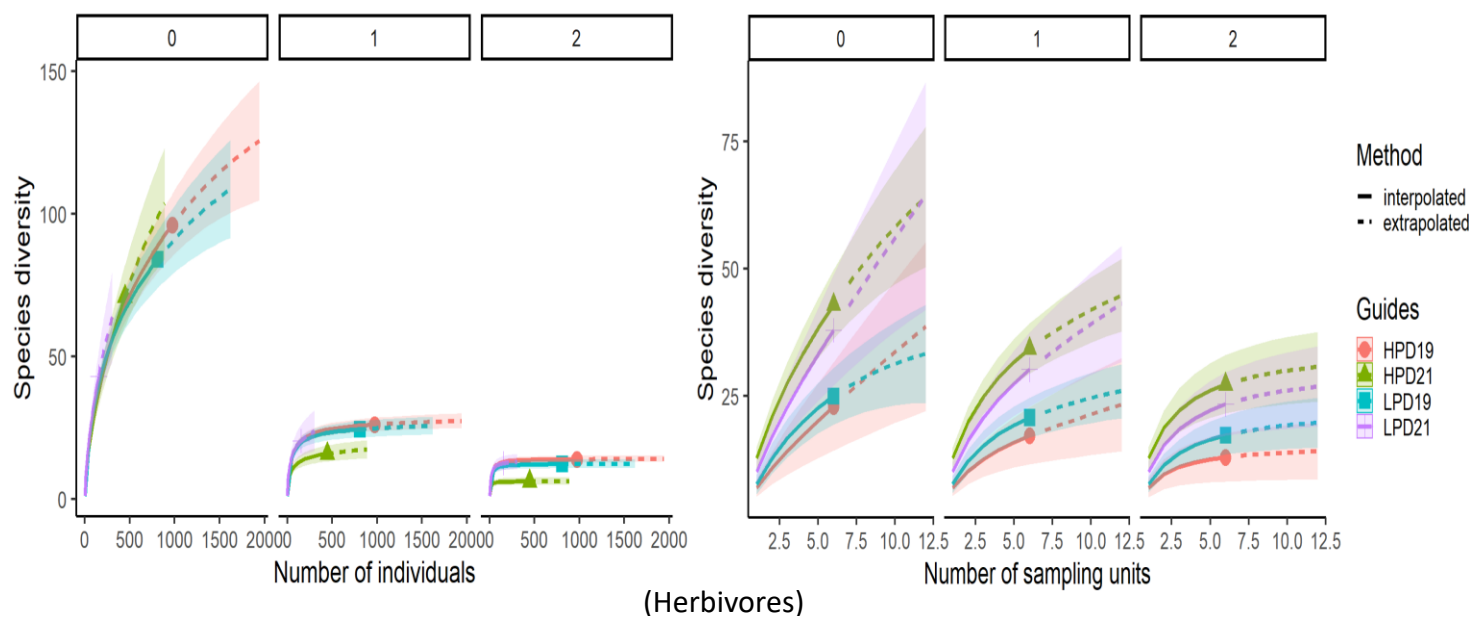


Figure 6.

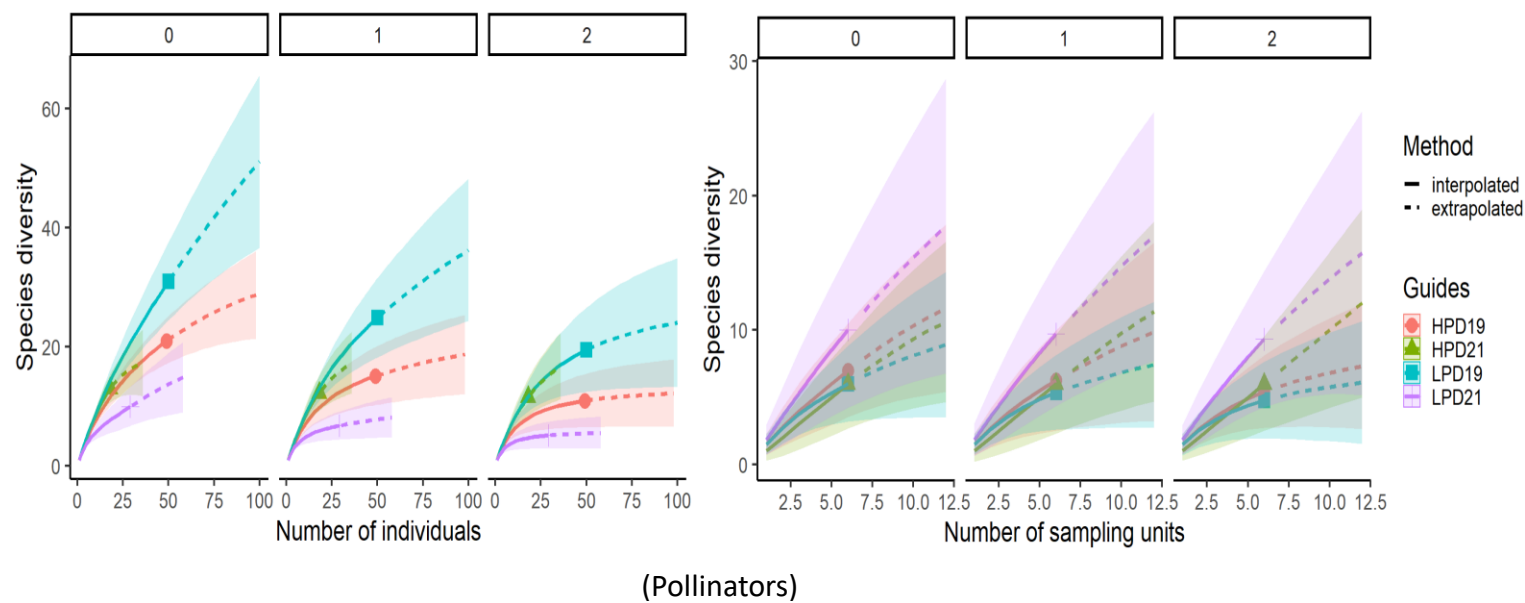
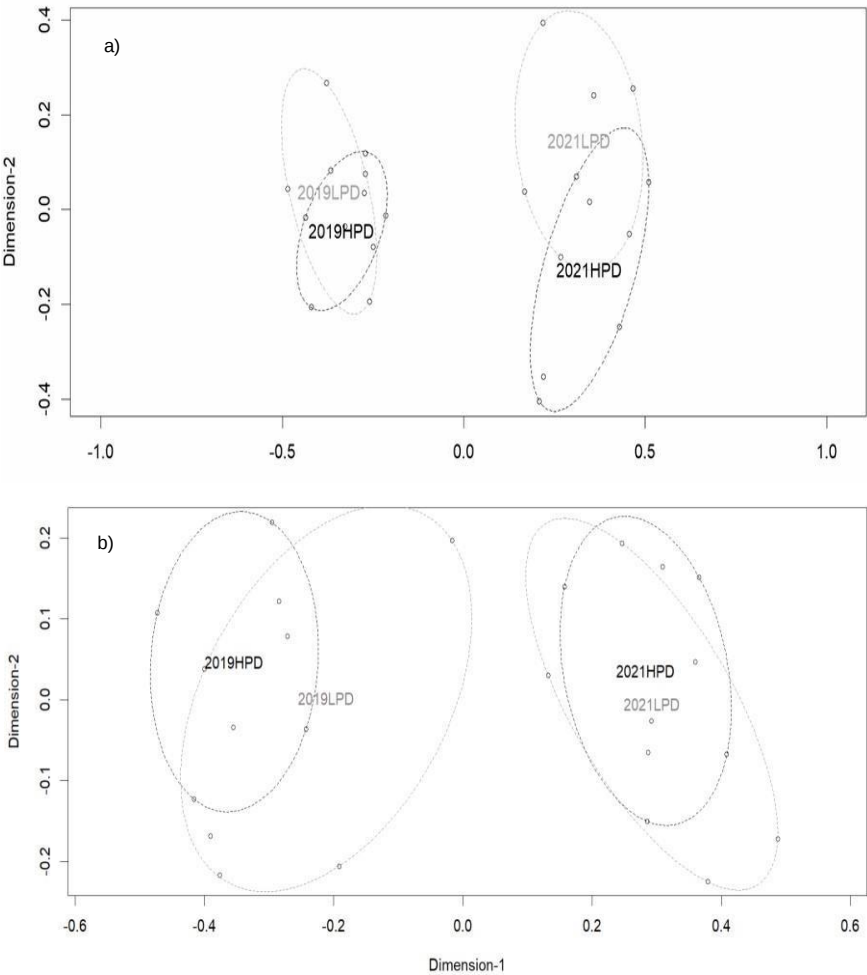


Figure 7



ACKNOWLEDGEMENTS

Special thanks to S. Sinaca-Colin for seeds collecting and sowing, and sapling planting in the field, and for F. Serrano of LANCIS- IE-UNAM for the development of tools for plant mapping within the vegetation islands. Experimental set up was possible also thanks to the invaluable help of P.

Pérez, V. Martin, C. Rodríguez, J. Zetina, I. Mendoza, G. Martínez, R. Rebollo, M. Maldonado, F. Parraguirre, A. Hernández, M. Streling, G. Martinez, S. Quintero, G. Franco, A. Rubini, M. Baranzelli, M. Mena, A. Bernal and R.Gutierrez. We are especially grateful to the family Vega for their agreement to set up this experiment in their land, for all their support and kindness during our stage at “Los Amigos” lodging. This work was funded by the Universidad Nacional Autónoma de México (PAPIIT IN-202419 grant to KB) and CONACyT (ID-133 to RSG). This work is part of the MSc thesis of Faride Ugalde at the Posgrado en Ciencias Biológicas- Universidad Nacional Autónoma de México, and she is thankful to the program for all support provided during her studies.

4.10 DATA AVAILABILITY STATEMENT

Upon acceptance, the data that support the findings of this study will be openly available in the Dryad Digital Repository

4.11 REFERENCES

- Abdala-Roberts L, Mooney K.A, Quijano-Medina T, Campos-Navarrete M.J, González-Moreno A, and Parra-Tabla V. (2015). Comparison of tree genotypic diversity and species diversity effects on different guilds of insect herbivores. *Oikos*, 124: 1527-1535. <https://doi.org/10.1111/oik.02033>
- Bochet, E., Poesen, J., & Rubio, J. L. (2000). Mound development as an interaction of individual plants with soil, water erosion and sedimentation processes on slopes. *Earth Surface Processes and Landforms*, 25(8), 847-867. [https://doi.org/10.1002/1096-9837\(200008\)25:8<847::AID-ESP103>3.0.CO;2-Q](https://doi.org/10.1002/1096-9837(200008)25:8<847::AID-ESP103>3.0.CO;2-Q)
- Boege, K., & Marquis, R. J. (2005). Facing herbivory as you grow up: The ontogeny of resistance in plants. *Trends in Ecology & Evolution*, 20(8), 441-448. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2005.05.001>
- Cavender-Bares J & Cavender N. (2011). Phylogenetic structure of plant communities provides guidelines for restoration. In:

Greipsson S (ed) Restoration ecology. Jones and Bartlett

Learning, LLC, Sudbury/Mississauga/London, pp 119–129. DOI: 10.1111/j.1461

0248.2009.01314.x

Chao, A., Gotelli, N. J., Hsieh, T. C., Sander, E. L., Ma, K. H., Colwell, R. K., & Ellison, A. M. (2014). Rarefaction and extrapolation with Hill numbers: A framework for sampling and estimation in species diversity studies. *Ecological Monographs*, 84(1), 45-67. <https://doi.org/10.1890/13-0133.1>

Chao, A., Kubota, Y., Zelený, D., Chiu, C., Li, C., Kusumoto, B., Yasuhara, M., Thorn, S., Wei, C., Costello, M. J., & Colwell, R. K. (2020). Quantifying sample completeness and comparing diversities among assemblages. *Ecological Research*, 35(2), 292-314. <https://doi.org/10.1111/1440-1703.12102>

Chaves, R. P., Ferrandis, A., Escudero, A., L., Luzuriaga. (2021). Diverse phylogenetic neighborhoods enhance community resistance to drought in experimental assemblages. *Scientific reports* 11.1: 1-12. DOI:10.1038/s41598-021-01991-z

Cook-Patton, S. C., McArt, S. H., Parachnowitsch, A. L., Thaler, J. S., & Agrawal, A. A. (2011). A direct comparison of the consequences of plant genotypic and species diversity on communities and ecosystem function. *Ecology*, 92(4), 915-923. <https://doi.org/10.1890/10-0999.1>

Crutsinger, G. M., Collins, M. D., Fordyce, J. A., Gompert, Z., Nice, C. C., & Sanders, N. J. (2006). Plant Genotypic Diversity Predicts Community Structure and Governs an Ecosystem Process. *Science*, 313(5789), 966-968. <https://doi.org/10.1126/science.1128326>

Dinnage, R., Cadotte, M. W., Haddad, N. M., Crutsinger, G. M., & Tilman, D. (2012). Diversity of plant evolutionary lineages promotes arthropod diversity. *Ecology Letters*, 15(11), 1308-1317. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01854.x>

Dirzo, R., Young, H. S., Galetti, M., Ceballos, G., Isaac, N. J., & Collen, B. (2014). Defaunation in the Anthropocene. *Science*, 345(6195), 401-406.

Egorov, E., Gossner, M. M., Meyer, S. T., Weisser, W. W., & Brändle, M. (2017). Does plant phylogenetic diversity increase invertebrate herbivory in managed grasslands? Basic and

Applied Ecology, 20, 40-50. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2017.03.004>

Faul, F., Erdfelder, E., Lang, A.-G., & Buchner, A. (2007). G*Power 3: A flexible statistical power analysis program for the social, behavioral, and biomedical sciences. *Behavior Research Methods*, 39, 175-191.

Funk, J., L., E., E., Cleland, K., N., Suding and E., S., Zavaleta. (2008). Restoration through reassembly: plant traits and invasion resistance. *Trends in ecology and evolution*. 23(12): 695-703. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(97\)00011-6](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(97)00011-6)

Fusheng, Y. A. N. (2021) Environmental DNA Metabarcoding: A Novel Method for Biodiversity Monitoring and More. *Bulletin of the Chinese Academy of Sciences*. Vol.35 No.3

Gálvez-Reyes, N., Arribas, P., Andújar, C., Emerson, B. C., Piñero, D., & Mastretta-Yanes, A. (2021). Dispersal limitations and long-term persistence drive differentiation from haplotypes to communities within a tropical sky-island: Evidence from community metabarcoding. *Molecular Ecology*, 30(24), 6611-6626. <https://doi.org/10.1111/mec.16195>

Gilbert, G. S., & Webb, C. O. (2007). Phylogenetic signal in plant pathogen–host range. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(12), 4979-4983. <https://doi.org/10.1073/pnas.0607968104>

Gilpin, A.-M., Kobel, C., Brettell, L. E., O'Brien, C., Cook, J. M., & Power, S. A. (2022). CoFlowering Species Richness Increases Pollinator Visitation to Apple Flowers. *Agriculture*, 12(8), 1246. <https://doi.org/10.3390/agriculture12081246>

Haddad NM, Crutsinger GM, Gross K, Haarstad J, Knops JM, Tilman D. (2009) Plant species loss decreases arthropod diversity and shifts trophic structure. *Ecol Lett*;12(10):1029-39. doi: 10.1111/j.1461-0248.2009.01356.x.

Haddad, N. M., Crutsinger, G. M., Gross, K., Haarstad, J., & Tilman, D. (2011). Plant diversity and the stability of foodwebs: Plant diversity and foodweb stability. *Ecology Letters*, 14(1), 42-46. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2010.01548.x>

Applied Ecology, 20, 40-50. <https://doi.org/10.1016/j.baae.2017.03.004>

Hsieh, T. C., Ma, K. H., & Chao, A. (2016). iNEXT: An R package for rarefaction and extrapolation of species diversity (Hill numbers). *Methods in Ecology and Evolution*, 7(12),

1451-1456. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12613>

Jactel, H., Moreira, X., & Castagneyrol, B. (2021). Tree diversity and forest resistance to insect pests: patterns, mechanisms, and prospects. *Annual Review of Entomology*, 66, 277-296.

Jin, Y., & Qian, H. (2019). V.PhyloMaker: An R package that can generate very large phylogenies for vascular plants. *Ecography*, 42(8), 1353-1359. <https://doi.org/10.1111/ecog.04434>

Junker, R. R., Blüthgen, N., & Keller, A. (2015). Functional and phylogenetic diversity of plant communities differently affect the structure of flower-visitor interactions and reveal convergences in floral traits. *Evolutionary Ecology*, 29(3), 437-450. <https://doi.org/10.1007/s10682-014-9747-2>

Kembel, S. W., Cowan, P. D., Helmus, M. R., Cornwell, W. K., Morlon, H., Ackerly, D. D., Blomberg, S. P., & Webb, C. O. (2010). Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics*, 26(11), 1463-1464. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq166>

Le Bagousse-Pinguet, Y., Soliveres, S., Gross, N., Torices, R., Berdugo, M., & Maestre, F. T. (2019). Phylogenetic, functional, and taxonomic richness have both positive and negative effects on ecosystem multifunctionality. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(17), 8419-8424. <https://doi.org/10.1073/pnas.1815727116>

Maleque, M., A., K., Maeto, H., T., Ishii. (2009). Arthropods as bioindicators of sustainable forest management, with a focus on plantation forest. *Appl. Entomol. Zool.* 44 (1): 1-11. <https://doi.org/10.1303/aez.2009.1>

Martínez-Garza, C., Bongers, F., & Poorter, L. (2013). Are functional traits good predictors of species performance in restoration plantings in tropical abandoned pastures? *Forest Ecology and Management*, 303, 35-45.

Martoni, F., I., Valenzuela & M., J., Blacket. (2021). On the complementarity of DNA barcoding and morphology to distinguish benign endemic insects from possible pests: the case of *Dirioxa pornia* and the tribe Acanthonevrini (Diptera: Tephritidae: Phytalmiinae) in Australia. *Insect Science*. 28: 261-270. <https://doi.org/10.1111/1744-7917.12769>

Moreira, X., Abdala-Roberts, L., Rasmann, S., Castagneyrol, B., & Mooney, K. A. (2016). Plant diversity effects on insect herbivores and their natural enemies: Current thinking, recent findings, and future directions. *Current Opinion in Insect*

Science, 14, 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.cois.2015.10.003>

Navarro-Cano, J., A., M., Governa, G., González-Barberá, V., & M., Castillo. (2017). Restauración ecológica en ambientes semiáridos. Recuperar las interacciones biológicas y las funciones ecosistémicas.

Navarro-Cano, J. A., Ferrer-Gallego, P. P., Laguna, E., Ferrando, I., Goberna, M., Valiente-Banuet, A., & Verdú, M. (2016). Restoring phylogenetic diversity through facilitation: Restoring phylogenetic diversity. *Restoration Ecology*, 24(4), 449-455. <https://doi.org/10.1111/rec.12350>

Navarro-Cano, J. A., Goberna, M., & Verdú, M. (2019). Plant facilitation as a tool to restore diversity and ecosystem functions. *Ecosistemas*, 28(2), 20-31. <https://doi.org/10.7818/ECOS.1747>

Oksanen, J., Blanchet, F., G., Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P.R., O'Hara, R.B., Simpson, G.L., Solymos, P., Stevens, M.H.H. & Wagner, H. (2014) *Vegan: Community Ecology Package*. R Package Version 2.2-0. <http://CRAN.Rproject.org/package=vegan>

Ozinga, W., A. (2005). Predictability of plant species composition from environmental conditions is constrained by dispersal limitation. *Oikos* 108, 555-561. <https://doi.org/10.1111/j.0030-1299.2005.13632.x>

Paradis, E., Claude, J., & Strimmer, K. (2004). APE: Analyses of Phylogenetics and Evolution in R language. *Bioinformatics*, 20(2), 289-290. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg412>

Pérez-Moreno, J.L., García-Ramírez, M., L., Castaño-Meneses, G., & Gómez-Anaya, J., A. (2016). Changes in arthropod composition along a successional gradient in a tropical dry forest in Mexico. *Biodiversity and Conservation*, 25(9), 1743-1761. doi: 10.1007/s10531-016-1162-2.

Price, P., W. (2002). Resource-driven terrestrial interaction webs. *Ecological Research* 17: 241-217.

R Core Team (2021) *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. <https://www.R-project.org>

Rykiel, E. J. (1985). Towards a definition of ecological disturbance. *Austral Ecology*, 10(3), 361-365. doi:10.1111/j.1442-

- Scherber, C., Eisenhauer, N., Weisser, W. W., Schmid, B., Voigt, W., Fischer, M., Schulze, E.-D., Roscher, C., Weigelt, A., Allan, E., Beßler, H., Bonkowski, M., Buchmann, N., Buscot, F., Clement, L. W., Ebeling, A., Engels, C., Halle, S., Kertscher, I., ... Tcharntke, T. (2010). Bottom-up effects of plant diversity on multitrophic interactions in a biodiversity experiment. *Nature*, 468(7323), 553-556. <https://doi.org/10.1038/nature09492>
- Schweitzer, J. A., Van Nuland, M., & Bailey, J. K. (2018). Intraspecific Plant–Soil Feedbacks Link Ecosystem Ecology and Evolutionary Biology. En T. Ohgushi, S. Wurst, & S. N. Johnson (Eds.), *Aboveground–Belowground Community Ecology* (Vol. 234, pp. 69-84). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-91614-9_4
- Schuldt, A., Bruelheide, H., Härdtle, W., Assmann, T. (2012), Predator Assemblage Structure and Temporal Variability of Species Richness and Abundance in Forests of High Tree Diversity. *Biotropica*, 44: 793-800. <https://doi.org/10.1111/j.1744-7429.2012.00876.x>
- Schuldt, A., Baruffol, M., Bruelheide, H., Chen, S., Chi, X., Wall, M., & Assmann, T. (2014). Woody plant phylogenetic diversity mediates bottom–up control of arthropod biomass in species-rich forests. *Oecologia*, 176(1), 171-182. <https://doi.org/10.1007/s00442-014-3006-7>
- Serrana, J. M., Miyake, Y., Gamboa, M., & Watanabe, K. (2019). Comparison of DNA metabarcoding and morphological identification for stream macroinvertebrate biodiversity assessment and monitoring. *Ecological Indicators*, 101, 963-972. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2019.02.008>
- Shokralla, S., Hellberg, R. S., Handy, S. M., King, I., & Hajibabaei, M. (2015). A DNA MiniBarcoding System for Authentication of Processed Fish Products. *Scientific Reports*, 5(1), 15894. <https://doi.org/10.1038/srep15894>
- Soto, M. (2004). El clima. En S. Guevara, J. Laborde y G. Sánchez-Ríos (Eds.), *Los Tuxtlas. El Paisaje de la Sierra* (pp. 195–198). Instituto de Ecología, A.C. y Unión Europea, Xalapa, Ver. México.
- Srivastava, D. S., Cadotte, M. W., MacDonald, A. A. M., Marushia, R. G., & Mirotchnick, N. (2012). Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecology Letters*, 15(7), 637-648. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01795.x>

- Staab, M., Bruelheide, H., Durka, W., Michalski, S., Purschke, O., Zhu, C.-D., & Klein, A.-M. (2016). Tree phylogenetic diversity promotes host–parasitoid interactions. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 283(1834), 20160275. <https://doi.org/10.1098/rspb.2016.0275>
- Staab, M., Liu, X., Assmann, T., Bruelheide, H., Buscot, F., Durka, W., Erfmeier, A., Klein, A., Ma, K., Michalski, S., Wubet, T., Schmid, B., & Schuldt, A. (2021). Tree phylogenetic diversity structures multitrophic communities. *Functional Ecology*, 35(2), 521-534. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.13722>
- Staab, M., & Schuldt, A. (2020). The Influence of Tree Diversity on Natural Enemies—A Review of the “Enemies” Hypothesis in Forests. *Current Forestry Reports*, 6(4), 243-259. <https://doi.org/10.1007/s40725-020-00123-6>
- Steege, N.C., A. Pitman, T. J. Killeen, W. F. Laurance, C. A Peres., J. E. Guevara, ... and I. Huamantupa-Chuquimaco. (2015). “Estimating the global conservation status of more than 15,000 Amazonian tree species”. *Science* 1: e1500936
- Vaca-Sánchez, M. S., Maldonado-López, Y., González-Rodríguez, A., Oyama, K., Fernandes, G. W., Fagundes, M., López-Barbosa, E. C., Aguilar-Peralta, J. S., & Cuevas-Reyes, P. (2021). Canopy arthropod diversity associated with *Quercus laurina*: Importance of an oak species diversity gradient on abundance, species richness and guild composition. *Journal of Insect Conservation*, 25(5-6), 859-874. <https://doi.org/10.1007/s10841-021-00352-5>
- Valiente-Banuet, A., & Verdú, M. (2007). Facilitation can increase the phylogenetic diversity of plant communities. *Ecology letters*, 10(11), 1029–1036. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2007.01100.x>
- Verdú, M., Gómez-Aparicio, L., & Valiente-Banuet, A. (2012). Phylogenetic relatedness as a tool in restoration ecology: A meta-analysis. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279(1734), 1761-1767. <https://doi.org/10.1098/rspb.2011.2268>
- Von Thaden, J. J., Laborde, J., Guevara, S., & Mokondoko-Delgadillo, P. (2020). Dinámica de los cambios en el uso del suelo y cobertura vegetal en la Reserva de la Biosfera Los Tuxtlas

(2006-2016). *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 91(0), 913190. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2020.91.3190>

Watson JEM, Evans T, Venter O et al (2018) The exceptional value of intact forest ecosystems. *Nat Ecol Evol* 2:599–610. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0490-x>

Webb, C. O., Ackerly, D. D., McPeck, M. A., & Donoghue, M. J. (2002). Phylogenies and Community Ecology. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 33(1), 475-505. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.33.010802.150448>

Yu, D. W., Ji, Y., Emerson, B. C., Wang, X., Ye, C., Yang, C., & Ding, Z. (2012). Biodiversity soup: Metabarcoding of arthropods for rapid biodiversity assessment and biomonitoring. *Methods in Ecology and Evolution*, 3(4), 613-623. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2012.00198.x>

Zhang, J., Kobert, K., Flouri, T., & Stamatakis, A. (2014). PEAR: A fast and accurate Illumina Paired-End reAd mergeR. *Bioinformatics*, 30(5), 614-620. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt593>

4.13 Appendix 1

The resulting paired-end reads for the (n=104) samples were quality filtered following procedures described by RTL Genomics (2019). Briefly, processing included denoising and chimera checking, quality inspection, OTU selection, taxonomic identification, and diversity analysis. The forward and reverse reads were obtained in FASTQ format and merged using the PEAR Illumina paired-end read merger (Zhang *et al.*, 2014). The resulting FASTQ files were converted to FASTA format for sequence and quality files. A quality trimming algorithm was applied to the reads, where each read's average quality score was calculated and trimmed back from the last base where the total average exceeded 25. Prefix dereplication was carried out using the USEARCH (Edgar, 2010) algorithm. This process grouped reads into clusters based on matching prefixes, with the requirement that any sequence of equal or shorter length than the centroid sequence must be a 100% match to it. Clustering with a 4% divergence threshold was performed using the USEARCH (Edgar, 2010) clustering algorithm. This step resulted in consensus sequences for each new cluster, with each sequence tagged to indicate the total number of member sequences (dereplicated + clustered). Clusters that contained < 2 members (singleton clusters) were not included in the output file, effectively removing them from the dataset. OTU (Operational Taxonomic Unit) selection was performed using the UPARSE OTU selection algorithm (Edgar, 2013) to categorize the numerous clusters into OTU. Chimera checking was conducted on the selected OTU using the UCHIME chimera detection software in de novo mode (Edgar *et al.*, 2011). Each centroid was then mapped to its corresponding OTU and marked as either chimeric or non-chimeric. All chimeric sequences were subsequently removed. Next, each read was mapped to its corresponding non-chimeric cluster using the USEARCH global alignment algorithm (Edgar, 2010). To determine the identity of each remaining sequence, quality checks and demultiplexing were performed using the denoised data generated earlier. These sequences were then clustered into OTU using the UPARSE (Edgar, 2013) algorithm. The centroid sequence from each cluster was aligned against either the USEARCH global alignment or the RDP Classifier using a database of high-quality sequences derived from the NCBI database. The output was analyzed using a custom Python program (Cock *et al.*, 2009) that assigned taxonomic information to each sequence and generated the final analysis files.

References

- Cock, P. J. A., Antao, T., Chang, J. T., Chapman, B. A., Cox, C. J., Dalke, A., Friedberg, I., Hamelryck, T., Kauff, F., Wilczynski, B., & De Hoon, M. J. L. (2009). Biopython: Freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics. *Bioinformatics*, 25(11), 1422-1423. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp163>
- Edgar, R. C. (2010). Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*, 26(19), 2460-2461. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq461>
- Edgar, R. C., Haas, B. J., Clemente, J. C., Quince, C., & Knight, R. (2011). UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. *Bioinformatics*, 27(16), 2194-2200. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr381>
- Edgar, R. C. (2013). UPARSE: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. *Nature Methods*, 10(10), 996-998. <https://doi.org/10.1038/nmeth.2604>
- Zhang, J., Kobert, K., Flouri, T., & Stamatakis, A. (2014). PEAR: A fast and accurate Illumina Paired-End reAd mergeR. *Bioinformatics*, 30(5), 614-620. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt593>

4.14 SUPPLEMENTARY INFORMATION

Title: Plant phylogenetic diversity influence on arthropod communities in tropical restoration plantations

Authors: Faride Ugalde^{1,2}, Rocío Santos-Gally^{1,3}, Rubén Pérez-Ishiwara¹, Nancy Gálvez-Reyes¹, Ana Wegier⁴ and Karina Boege^{1*}



Fig.S1 Plots location within “Los Amigos” cattle ranch, in Los Tuxtlas, Veracruz Mexico, under two treatments: High (in red) and Low (in blue) plant phylogenetic diversity. Yellow ovals represent blocks used in the statistical analyses to control for landscape heterogeneity.

SUPPLEMENTARY INFORMATION

Title: Plant phylogenetic diversity influence on arthropod communities in tropical restoration plantations

Authors: Faride Ugalde^{1,2}, Rocío Santos-Gally^{1,3}, Rubén Pérez-Ishiwara¹, Nancy Gálvez-Reyes¹, Ana Wegier⁴ and Karina Boege^{1*}

Figure S3.

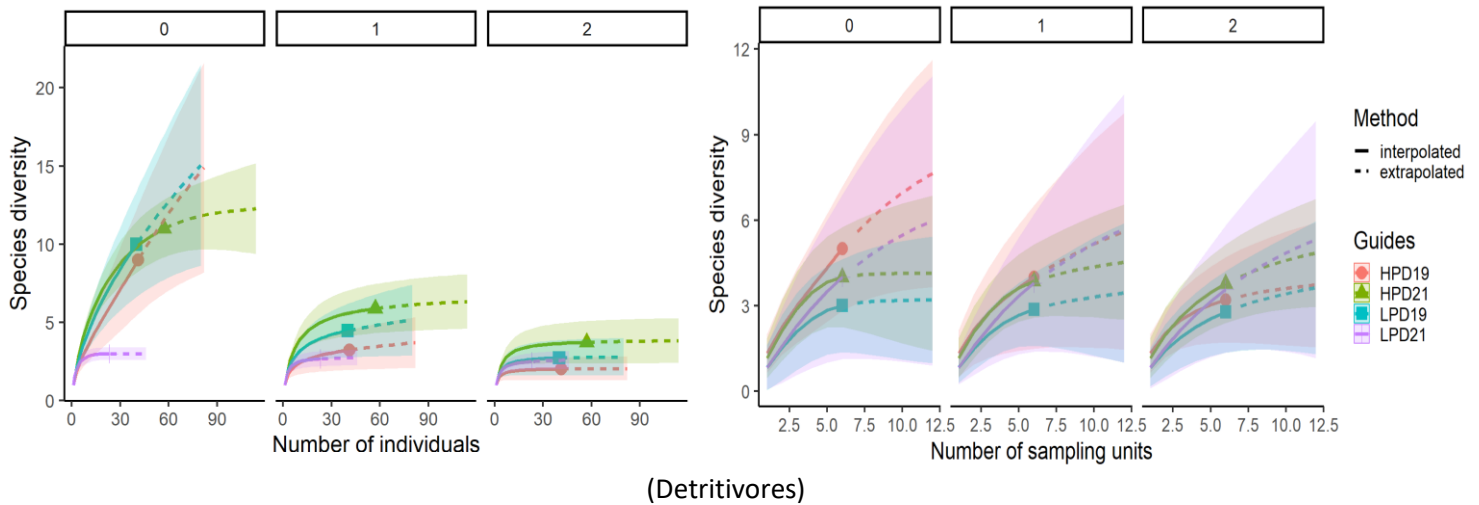


Fig.S3. Diversity Hill indexes of detritivores a) morphospecies and b) OTU. Sample-size based (solid line segments) and extrapolation (dotted line segments) sampling curves with 95% confidence intervals (shaded areas) for High (HPD) and Low (LPD) Phylogenetic Diversity treatments in 2019 and 2021. The three orders of q correspond to the effective number of total species ($q=0$), common species ($q=1$) and dominant species ($q=2$).

SUPPLEMENTARY INFORMATION

Title: Plant phylogenetic diversity influence on arthropod communities in tropical restoration plantations

Authors: Faride Ugalde^{1,2}, Rocío Santos-Gally^{1,3}, Rubén Pérez-Ishiwara¹, Nancy Gálvez-Reyes¹,

Ana Wegier⁴ and Karina Boege^{1*}

Table S1. Plant species planted in high (HPD) and low phylogenetic diversity (LHP) restoration plots.

Species	Family	Treatment
<i>Erythroxylum macrophyllum</i>	Erythroxylaceae	HDP
<i>Cestrum racemosum</i>	Solanaceae	HDP
<i>Tabernaemontana litoralis</i>	Appocynaceae	HDP
<i>Couepia polyandra</i>	Chrysobalanaceae	HDP
<i>Miconia argenta</i>	Melastomataceae	HDP
<i>Diospyros nigra</i>	Ebenaceae	HDP
<i>Pouteria sapota</i>	Sapotaceae	HDP
<i>Tabernaemontana donnellsmithii</i>	Appocynaceae	HDP
<i>Amphitecna tuxtlensis</i>	Bignoniaceae	HDP
<i>Rollinia jimenezii</i>	Annonaceae	HDP
<i>Nectandra ambigens</i>	Lauraceae	HDP
<i>Psychotria limonensis</i>	Rubiaceae	HDP
<i>Trema micranthum</i>	Cannabaceae	HDP
<i>Ampelocera hottlei</i>	Ulmaceae	HDP
<i>Vochysia guatemalensis</i>	Vochysiaceae	HDP
<i>Cordia stellifera</i>	Cordiaceae	HDP
<i>Virola guatemalensis</i>	Myristicaceae	HDP
<i>Eugenia acapulscensis</i>	Myrtaceae	HDP-LPD
<i>Vachellia cornigera</i>	Fabaceae	HDP-LPD
<i>Ceiba pentandra</i>	Malvaceae	HDP-LPD
<i>Inga vera</i>	Fabaceae	HDP-LPD
<i>Cecropia obtusifolia</i>	Urticaceae	HDP-LPD
<i>Poulsenia armata</i>	Moraceae	HDP-LPD
<i>Cedrela odorata</i>	Meliaceae	HDP-LPD
<i>Spondias radlkoferi</i>	Anacardiaceae	HDP-LPD
<i>Zanthoxylum limonella</i>	Rutaceae	HDP-LPD
<i>Heliocarpus appendiculatus</i>	Malvaceae	HDP-LPD
<i>Ochroma pyramidale</i>	Malvaceae	HDP-LPD
<i>Guarea glabra</i>	Meliaceae	HDP-LPD
<i>Ficus yoponensis</i>	Moraceae	LPD
<i>Eugenia colipensis</i>	Myrtaceae	LPD
<i>Omphalea oleifera</i>	Euphorbiaceae	LPD
<i>Cojoba arborea</i>	Fabaceae	LPD
<i>Sapium nitidum</i>	Euphorbiaceae	LPD

<i>Eugenia aeruginea</i>	Myrtaceae	LPD
<i>Hampea nutricia</i>	Malvaceae	LPD
<i>Croton pyramidale</i>	Euphorbiaceae	LPD
<i>Brosimum allicastrum</i>	Moraceae	LPD
<i>Pseudolmeia glabrata</i>	Moraceae	LPD
<i>Spondias mombin</i>	Anacardiaceae	LPD
<i>Trophis mexicana</i>	Cannabaceae	LPD
<i>Urera rzedowskii</i>	Urticaceae	LPD
<i>Trichilia havanesis</i>	Meliaceae	LPD

SUPPLEMENTARY INFORMATION

Table S2. List of species identified with metabarcoding in restoration plots with high and low plant phylogenetic diversity in Los Tuxtlas, Veracruz, México.

Predator Species	Detritivore Species	Pollinator Species	Unclassified species
<i>Agelaia.pallipes</i>	<i>Drosophila.equinoxialis</i>	<i>Apis.mellifera</i>	<i>Amblyomma.cajennense</i>
<i>Argia.oculata</i>	<i>Drosophila.melanogaster</i>	<i>Drosophila.bromeliae</i>	<i>Blaesoxipha.arizona</i>
<i>Argiope.blanda</i>	<i>Drosophila.nebulosa</i>	<i>Melitoma.segmentaria</i>	<i>Calliphora.vomitorea</i>
<i>Ceraticelus.emertoni</i>	<i>Drosophila.parabiplectinata</i>	<i>Toxomerus.bistrigatus</i>	<i>Chrysomya.rufifacies</i>
<i>Ceratinops.crenatus</i>	<i>Drosophila.pseudoananassae</i>	<i>Toxomerus.floralis</i>	<i>Chrysops.aff.montanus</i>
<i>Clubiona</i>	<i>Heterotermes.vagus</i>		<i>Cochliomyia.macellaria</i>
<i>Dolomedes.sulfureus</i>	<i>Hirtodrosophila</i> sp		<i>Culex.nigripalpus</i>
<i>Grammonota.gentilis</i>	<i>Leucophenga.meijerei</i>		<i>Culex.taeniopus</i>
<i>Habronattusborealis</i>	<i>Leucophenga.quadripunctata</i>		<i>Cyrtoneurina.alifusca</i>
<i>Hibana.gracilis</i>	<i>Leucophenga.varia</i>		<i>Cyrtoneurina.geminata</i>
<i>Latrodectus.mactans</i>	<i>Paradelia.arctica</i>		<i>Cyrtoneuropsis.pararescita</i>
<i>Leucauge.argyra</i>	<i>Zaphne.divisa</i>		<i>Haematobia.irritans</i>
<i>Micrathena.sagittata</i>	<i>Zaprionus.africanus</i>		<i>Lucilia.coeruleiviridis</i>
<i>Nallachius.americanus</i>	<i>Zaprionus.indianus</i>		<i>Morellia.nigricosta</i>
<i>Neosconas.arabesca</i>			<i>Neobellieria.polistensis</i>
<i>Odontomachus.laticeps</i>			<i>Ochlerotatus.angustivittatus</i>
<i>Pachycondyla</i> sp			<i>Ochlerotatus.taeniorhynchus</i>
<i>Pardosa.distincta</i>			<i>Oxysarcodexia.cingarus</i>
<i>Perilampus.tristis</i>			<i>Oxysarcodexia.thornax</i>
<i>Philoponella.prominens</i>			<i>Oxysarcodexia.ventricosa</i>
<i>Photuris.tremulans</i>			<i>Palaeosepsis.pusio</i>
<i>Polistes.biguttatus</i>			<i>Peckia.chrysostoma</i>
<i>Polistes.instabilis</i>			<i>Polietina.orbitalis</i>
<i>Polybia.belemensis</i>			<i>Psorophora.longipalpus</i>
<i>Rabidosa.rabida</i>			<i>Ravinia.lherminieri</i>
<i>Schizocosa.maxima</i>			<i>Ravinia.pernix</i>
<i>Sinea.diadema</i>			<i>Ravinia.querula</i>
<i>Theridion.differens</i>			<i>Ravinia.stimulans</i>

Theridula.opulenta
Zygoballus.rufipes

Spilogona.denudata
Synthesiomyia.nudiseta
Tricharaea.brevicornis

Herbivore Species

Adelpha sp
Aidemona.alticola
Alagoasa.lineola
Amphelasma.nigrolineatum
Anartia.fatima
Anaxipha.exigua
Anaxipha.tinnulenta
Ascalapha.odorata
Asphaera.nobilitata
Calycomyza.hyptidis
Celiptera sp
Conga.chydaea
Conocephalus.ictus
Consul.fabius
Cymaenes.odilia
Deltocephalus sp
Draeculacephala.navicula
Draeculacephala.noveboracensis
Draeculacephala.soluta
Dysdercus.evanescens
Eunemobius.carolinus
Euschistus.quadrator
Everes sp
Evergestis.caesialis
Fountainea.eurypyle
Gryllus.pennsylvanicus
Gryllus.veletis
Hamadryas.arinome
Hamadryas.ferentina
Hermeuptychia sp
Hortensia.similis
Incertella.incerta
Lasioderma.serricorne
Lesmone.formularis
Lobiopa.falli
Melanagromyza.virens
Memphis.pithyusa
Microtalis.calva

Neoconocephalus.robustus
Neoconocephalus sp
Neonemobius.cubensis
Neopamera.bilobata
Neurocolpus.nubilus
Notozulia.entreriana
Oebalus.ypsilongriseus
Oncometopia.nigricans
Oncopeltus.fasciatus
Ophiomyia.lantanae
Opsiphanes.cassina
Opsiphanes.tamarindi
Orchelimum.gladiator
Pissonotus.rubrilatus
Prosapia.bicincta
Pseudatomoscelis.seriatatus
Pseudopachybrachius.basalis
Schistocerca.americana
Schistocerca.ceratiola
Schistocerca.flavofasciata
Schistocerca.impleta
Schistocerca.literosa
Schistocerca.melanocera
Schistocerca.obscura
Schistocerca.pallens
Schistocerca.piceifrons
Scudderia.furcata
Spangbergiella.viridis
Spilomelinae.gen
Spodoptera.latifascia
Stegasta.variana
Stelidota.geminata
Teleonemia.scrupulosa
Tylozygus.fasciatus
Umbonia.crassicornis
Urania.leilia
Urbanus.dorantes
Virbia.ferruginosa

Miogryllus.saussurei
Xyonysius.californicus

Xestocephalus.desertorum

Mormidea.quinqueluteum

Discusión

Resumen de los resultados

La diversidad filogenética de plantas tuvo un impacto significativo en la abundancia de los artrópodos evaluados, con un marcado incremento de organismos en parcelas con diversidad filogenética alta. En contraste, no se encontró una diferencia representativa entre tratamientos tanto para la riqueza como para la diversidad de artrópodos. Lo que si se observó fue una distinción entre años, con una disminución del número efectivo de especies (comunes y dominantes) y la riqueza de organismos del 2019 al 2021, sin importar el tratamiento. La composición de especies tampoco diferenció ambos tratamientos, aunque se observó una mayor dispersión de las morfoespecies en 2021, lo que podría indicar el principio de una separación y diferenciación entre comunidades de artrópodos. Del mismo modo, las gráficas de rango abundancia sugieren cambios en la equitatividad de especies, lo cual confirma que especies más raras llegaron a las parcelas de restauración a lo largo de dos años,

especialmente en el tratamiento de diversidad filogenética alta. Es importante enfatizar que los resultados y patrones obtenidos mediante el método molecular o morfológico fueron distintos entre sí, en particular para el caso de los herbívoros lo que en mayor medida representa un aspecto importante a considerar al momento de evaluar aspectos ecológicos y la recuperación de los componentes del ecosistema después de una intervención de restauración.

Aporte general en el campo de ecología de las interacciones planta herbívoro

El aporte de este trabajo representa una contribución a la investigación sobre el efecto de la diversidad filogenética de las plantas en un bosque tropical siempre-verde en niveles tróficos superiores, a través de cambios en su abundancia y en la diversidad de especies comunes y dominantes. Los cambios en la abundancia, equitatividad y dispersión de especies ejemplifican que, hasta este momento y tiempo, las comunidades de artrópodos comienzan a separarse y distinguirse entre ambos tratamientos, por lo que las comunidades de plantas si intervinieron en el desarrollo y asentamiento de las mismas. Estos resultados concuerdan con diversos autores que discuten que una selección y establecimiento de las especies adecuadas de plantas puede escalar hacia futuras funciones ecosistémicas o niveles tróficos. Esto, a su vez, puede promover la productividad de las plantas o procesos biogeoquímicos del suelo (Navarro-Cano *et al.*, 2017, 2016). Por ejemplo, estudios en pastizales experimentales han reportado un incremento en los efectos de la diversidad filogenética de las plantas sobre los artrópodos cuando ésta es elevada, influenciando la diversidad y abundancia de los diferentes gremios, lo cual concluye con cambios en procesos ecosistémicos dominados por niveles tróficos superiores como la herbivoría o el ciclaje de nutrientes (Dinnage *et al.*, 2012; Ebeling *et al.*, 2014). Adicionalmente, estos experimentos de campo deben ser impulsados a largo plazo, ya que, por ejemplo, algunos de los diferentes ejercicios de restauración en áreas agrícolas, encontraron cambios dramáticos en los patrones de recuperación a lo largo de un período de 15 años (Holl *et al.*, 2020). Es importante considerar que los efectos benéficos sobre los gremios de artrópodos pueden ser modificados a través del tiempo conforme cambian los atributos de las plantas de acuerdo a sus trayectorias ontogenéticas (Barton y Boege, 2017). En este contexto, la falta de patrones claros observados en este estudio sobre los efectos de la diversidad filogenética de las plantas en la diversidad de artrópodos podría cambiar a través del tiempo. Hipotetizamos que, con el tiempo, las variaciones en la composición de plantas y los cambios asociados a su desarrollo, la influencia de este nivel de diversidad sobre los distintos gremios estudiados será más evidente.

La elección de utilizar artrópodos para evaluar los efectos de la diversidad filogenética de las plantas en niveles tróficos superiores se basó en su estrecha interacción con las mismas; además, este grupo representa un gran porcentaje del total de especies en sistemas tropicales y representan un abundante recurso base para una gran variedad de organismos, por lo que tienen un fuerte impacto en la diversidad de sus consumidores (Becerra, 2015). Adicionalmente, por el papel clave que tienen en funciones ecosistémicas como dispersión de semillas, polinización, depredación, etc., (Didham *et al.*, 2015), los artrópodos han demostrado ser un excelente grupo para evaluar el estado

de conservación de los sistemas tropicales, ya que la información que proporcionan representa una medida indirecta de la resiliencia del ecosistema, además de ser una medida costo eficiente para monitorear la restauración (Peterson *et al.*, 1998; Cadotte, 2013; Montoya *et al.*, 2012). Los resultados obtenidos corroboran que los artrópodos representan un buen indicador de la recuperación de procesos y funciones ecosistémicas, ya que con muestras de dos años se observaron cambios en los diferentes parámetros ecológicos evaluados. La recomendación de utilizar a estos organismos como modelo es aceptada por toda la información que pudimos inferir con ellos, la cual inclusive podría extenderse más allá cambiando el enfoque con que se aborda la información o los objetivos planteados. Por ejemplo, incluyendo la cuantificación de la diversidad de atributos funcionales de los artrópodos que responden a factores ambientales, como el tamaño del cuerpo de micro artrópodos, alimentación, hábitos reproductivos, cantidad de crías, etcétera, se pueden identificar muchas respuestas sutiles pero muy importantes para determinar parámetros relacionados con el estado ecológico (Ostertag *et al.*, 2020). Con base a estos antecedentes del rol que juegan los artrópodos en la cadena trófica, la contribución de comprender de manera más profunda cómo aumentar la diferenciación de nichos para sus diferentes grupos se vuelve un elemento clave. El saber cómo la diversidad filogenética de las plantas potencialmente promoverá la coexistencia de un mayor número de especies (Becerra, 2015), aumentaría nuestro conocimiento de los mecanismos que favorecen la coexistencia de ciertas especies y el ensamblaje de comunidades ecológicas (Webb *et al.* 2002, Cavender-Bares *et al.*, 2004, Kraft *et al.*, 2008), con lo que se generan nuevas ideas o cuestionamientos para plantear a futuro interrogantes y diseños experimentales dinámicos más intrincados.

Restauración ecológica considerando la diversidad filogenética de las plantas

Al iniciar un proyecto de restauración, deben contemplarse eventos que se desenvolverán a través de la sucesión y establecimiento de especies. En primer lugar, las metas de restauración deben maximizar el establecimiento de plantas, especialmente en espacios donde hay degradación importante del suelo o ambientes ampliamente alterados. Posteriormente, una meta a largo plazo para favorecer la persistencia de las comunidades de plantas restauradas, lo cual implica poblaciones con la capacidad y potencial de responder a distintos cambios y desafíos ambientales. Finalmente, una tercera meta, es restaurar en la mayor medida un ecosistema funcional (Kettering *et al.*, 2014). En el caso de las parcelas experimentales de este estudio, se ha logrado persistencia de comunidades de plantas y de sus artrópodos asociados, incorporando al sistema interacciones como la herbivoría, la polinización y la depredación. A largo plazo, se pretende que se reinstauren diversos servicios ecosistémicos como: redes de interacción locales, mantenimiento de nutrientes, ciclos hidrológicos y la resiliencia ante los disturbios climáticos (Kettering *et al.*, 2014).

En este trabajo se encontraron elementos que sugieren un proceso de restauración de las comunidades asociadas a una selva tropical perennifolia. A pesar de haber observado una reducción

general del número efectivo de especies comunes y dominantes, la llegada de especies más raras a las parcelas de restauración puede indicar una transición de las interacciones especialistas entre organismos. La diversidad de las plantas no sólo afecta la diversidad de especies de animales (Junker *et al.*, 2013) sino también la manera en que las especies interactúan entre sí (redes de interacción) a través de los diferentes niveles tróficos (Haddad *et al.*, 2009), lo cual modifica la estructura de la interacción que existe entre las plantas, herbívoros, carnívoros, detritívoros y demás gremios (Rzanny and Voigt, 2012; Junker *et al.*, 2013). Se ha teorizado que las redes tróficas en ecosistemas más complejos se encuentran frecuentemente caracterizadas por contener un gran número de interacciones “débiles” y un pequeño número de interacciones “fuertes”, lo cual promueve una alta estabilidad de las redes de interacción, aún con conductancias pequeñas (Mendes *et al.*, 2018). Por ejemplo, se ha identificado que el cambio en la organización y fuerza de las interacciones entre especies tiene importantes consecuencias para el funcionamiento del ecosistema (Montoya *et al.*, 2006; Thébault y Fontaine, 2010), y mediante el uso de simulaciones, varios estudios han determinado que interacciones no aleatorias conducen a comunidades más robustas y estables (Rohr *et al.*, 2014). En el contexto de este estudio, el cambio en la abundancia de especies dominantes en los tratamientos de alta diversidad filogenética, posiblemente promueva un incremento en el número de interacciones bióticas dentro de las parcelas de restauración, y la llegada de especies nuevas, que, aunque menos abundantes, estimulan un spillover de organismos aledaños adicional a las especies ya establecidas dentro de la parcela (Castagneyrol *et al.*, 2014). En un futuro, será de gran relevancia para el proyecto investigar a profundidad las redes de interacción entre la diversidad filogenética de plantas y la complejidad en niveles tróficos superiores, así como incorporar la depredación intra-gremio, y los efectos simultáneos de depredadores o efectos indirectos a través de los demás niveles tróficos (Abdala-Roberts *et al.*, 2015).

Restauración en agroecosistemas

De manera particular, para la restauración de paisajes agrícolas se han encontrado resultados mixtos o ambiguos sobre los efectos de distintas estrategias de restauración ecológica, lo que concuerda con nuestros resultados y a su vez demuestra la dificultad que implica evaluar estos procesos de restablecimiento ecológico. Uno de los retos más importantes es fundamentar la elección de especies de plantas para el diseño de restauración en paisajes agrícolas en función de los rasgos funcionales relevantes, y sus efectos sobre niveles tróficos superiores (Verdú *et al.*, 2012). Por ejemplo, se ha propuesto que la redundancia funcional, donde dos o más especies se consideran redundantes con respecto a un proceso en el ecosistema cuando la ausencia de una o más de estas especies, no afecta significativamente dicho proceso (Mouchet *et al.*, 2010), puede aumentar la estabilidad de un sistema. Esto asegura que al menos algunos miembros de un grupo funcional sobrevivirán a eventos climáticos y perturbaciones severas (Funk *et al.*, 2008), lo cual es un objetivo deseable de la restauración ecológica. La planificación de la restauración también debe considerar las características de otras especies de plantas y animales presentes en las diversas etapas de la

restauración, y su pertinencia dentro de un sistema agropecuario. Es por esto que, a futuro, el entendimiento integral de los componentes e interacciones de los sistemas productivos será determinante para diseñar y manejar la producción sostenible (Gliessman 2002; Hagggar *et al.*, 2011).

Contraste métodos morfológicos y moleculares y sus implicaciones para la restauración

Comúnmente, los invertebrados son pasados por alto en monitoreos de restauración debido a que son altamente diversos, pobremente descritos, su muestreo consume mucho tiempo, y además se requiere una pericia taxonómica para su identificación, que con mayor frecuencia es cada vez más escasa (Van der Heyde *et al.*, 2021). A pesar de ser excelentes indicadores de los cambios en el ecosistema, la alta biodiversidad de las comunidades de invertebrados vuelve difícil identificar a los especímenes capturados, asimismo, muchos taxones son crípticos, o apenas van a ser identificados (Smith *et al.*, 2005). Consecuentemente, muchos estudios que han examinado las respuestas de los artrópodos a esfuerzos de restauración se han enfocado en taxas particulares, ya sea porque ya habían sido previamente identificados o porque se trata de especies con valor de conservación (Majer, 2009), limitando la información que se puede obtener de los mismos o logrando respuestas sesgadas dependiendo del taxón evaluado (Cristescu *et al.*, 2012).

Ante esta problemática, el análisis genético de un solo marcador molecular ampliamente referido en bases de datos para identificar diferencias entre especies (DNA metabarcoding) es una herramienta relativamente nueva para muestreos rápidos, que es capaz de solucionar las limitaciones antes mencionadas, además de proveer información sobre los distintos taxa con los que los invertebrados interactúan mediante la obtención de secuencias de DNA, ya sea de los mismos organismos o presentes en el hábitat. En comparación con la identificación morfológica, donde cada espécimen tiene que ser evaluado individualmente, usar la técnica de DNA metabarcoding ha probado ser preciso en la identificación, confiable y más rápido que métodos morfológicos convencionales (Ji *et al.*, 2013; Beng *et al.*, 2016). y ha sido utilizados para demostrar las respuestas de artrópodos a la restauración y el cambio de uso de suelo (Beng *et al.*, 2016). De manera particular, para este proyecto con la identificación morfológica se pudieron diferenciar 553 morfoespecies, mientras que utilizando la técnica de metabarcoding se identificaron a especie 201 organismos. Aún con limitada información taxonómica, el DNA metabarcoding de muestras de invertebrados puede ser utilizado para evaluar interacciones biológicas complejas, así como establecer trayectorias de restauración. Por consiguiente, estas evaluaciones en masa representan una manera novedosa y rentable de recabar datos de distintos gremios de artrópodos con diferentes funciones y nichos, lo cual proporciona una descripción del estado del ecosistema en ese tiempo y espacio. A su vez, el uso de primers resulta esencial para el desarrollo de la técnica y la determinación de los organismos blanco (Elbrecht *et al.*, 2019). Particularmente el gen citocromo oxidasa (COI) es frecuentemente utilizado como marcador de elección debido a que ninguna otra región genética puede ser encontrada en bases de datos verificadas taxonómicamente con secuencias que cubran tantos

grupos de organismos (Deagle *et al.*, 2014). COI proporciona diversos beneficios y facilidades, como es el habilitar alcanzar una identidad taxonómica, y no solo permitir obtener esta identificación, sino que también la estructura intraespecífica. COI también posibilita la detección de secuencias erradas, aportando ventajas en el denoising de genes que codifican proteínas (Ándujar *et al.*, 2018). Adicionalmente a la identificación de especies nuevas y ya conocidas, el uso de COI se sugiere como un estándar para el descubrimiento de taxones crípticos, la asociación de diferentes etapas de vida de la misma especie y la genética de conservación de la vida silvestre (Rodrigues *et al.*, 2017). Con esto, la estandarización de este gen dentro de los protocolos de metabarcoding para obtener un “voucher” asociado a una colección biológica curada es de suma importancia para permitir el seguimiento y propuestas de estrategias de corroboración de especies.

Sin embargo, existen algunas limitaciones con el uso de DNA metabarcoding. Por ejemplo, Van der Heyde *et al.* (2021) condujeron un experimento en la etapa óptima del año de crecimiento y floración de plantas, por lo que menciona que sus resultados pudieran ser sesgados por esta característica, ya que no se puede asegurar que estos patrones sean aplicables o repetibles a lo largo del año debido a la variación estacional. La estacionalidad es un factor que afecta fuertemente a las comunidades de artrópodos, comunidades de plantas y especialmente la interacción entre ambos, recalcando la importancia de incluir muestreos no sólo a través del espacio, sino a través del tiempo y estaciones para que tanto el análisis morfológico como el de metabarcoding sean más certeros e integrales. Por otro lado, a pesar de que numerosos estudios han demostrado la utilidad de estos análisis para investigar los cambios en perfiles de comunidades, la identificación de especies a través de las librerías de barcodes de referencia es especialmente retador para el grupo de los artrópodos y otros grupos pobremente estudiados, debido a su alta diversidad, dificultad de identificación (Austin *et al.*, 2004), y baja disponibilidad de secuencias de DNA en bases de datos digitales y públicas de lugares diversos como las selvas tropicales. Otra limitante es que la degradación de DNA puede ocurrir a diferentes tasas dependiendo de las fuentes de muestreo y su manejo. De la misma forma, la identificación de grupos pobremente estudiados representa un reto por la profunda carencia de estas secuencias de DNA, la transportación de DNA por vectores secundarios (como depredadores o heces), poca afinidad a los primers, o similitudes entre especies cercanamente relacionadas (Shaw *et al.*, 2016; Laroche *et al.*, 2017; Serrana *et al.*, 2019; Martoni *et al.*, 2021). El área de estudio muestreada también puede influenciar la selección de objetivos adecuados debido a que los organismos operan a diferentes escalas espaciales, y la selección de un sustrato inadecuado pudiera representar que el DNA se originó de una muestra fuera del área de estudio particular. Por ejemplo, para muestrear una parcela relativamente pequeña de 20 m X 20m, puede ser óptimo enfocarse en organismos sedentarios, en lugar de especies más móviles de invertebrados, ya que los primeros han mostrado mayor fidelidad local y trayectorias más fuertes de restauración (Van der Heyde *et al.*, 2022). De manera interesante y de acuerdo con este planteamiento, los resultados más significativos conforme al tratamiento de diversidad filogenética

alta, fueron obtenidos en las muestras de OTU de herbívoros, y contrastaron con los análisis de morfoespecies. Otra preocupación importante de la aplicación del DNA metabarcoding a procesos de restauración es la poca certeza del método para proveer medidas de abundancia y las dificultades que trae consigo, ya que esta puede ser muy relevante para el estudio, por ejemplo, al momento de evaluar la resiliencia y componentes de reclutamiento de la función del ecosistema (Gann *et al.*, 2019). Tal fue el caso de los resultados obtenidos en este estudio, que fueron evaluados con una matriz de presencia/ausencia. Esta matriz permitió profundizar en la comparación entre tratamientos conforme a los índices evaluados o en el número efectivo de especies de Hill, pero permaneció limitado en los análisis basados en datos de abundancia, por ejemplo, con los análisis estadísticos de modelos lineales mixtos, por lo que no fue posible realizar una comparación completa de ambas metodologías.

No obstante, a futuro, una de las ventajas de utilizar DNA metabarcoding, además de detectar la diversidad y composición de las comunidades de invertebrados, es proveer información de las especies de plantas que están siendo utilizadas como alimento y hábitat (Jurado-Rivera *et al.*, 2009; Pornon *et al.*, 2016). Por ejemplo, en el caso de artrópodos, estudios previos han sugerido que el DNA de muestras obtenidas de polinizadores, podría permitir también identificar qué especies de plantas habían visitado y consumido (Jurado-Rivera *et al.*, 2009). Gracias a que los ecosistemas son dinámicos, determinar qué sitios han sido completamente restaurados, dependerá fuertemente en la selección apropiada de sitios de referencia para capturar la variación natural dentro del ecosistema. A pesar de las limitaciones descritas como la estacionalidad o la falta de información taxonómica en bases de datos.

El conjunto de métodos emergentes de monitoreo rápido como el DNA metabarcoding invita a identificar en dónde son beneficiosas, lo cual es crítico para su incorporación en proyectos de restauración (Van der Heyde *et al.*, 2021). El DNA metabarcoding representa una herramienta novedosa y rentable de recabar datos de distintos gremios de artrópodos con iguales resultados en todo el ciclo de vida, perfilándose como una técnica prometedora para futuros estudios de restauración ecológica.

Conclusiones

Este estudio provee pruebas experimentales de que la diversidad filogenética de plantas tropicales influye significativamente en las comunidades de artrópodos, tanto en su abundancia como en la diversidad de especies comunes y dominantes de distintos gremios de artrópodos. Esta información destaca la importancia de la selección de especies de plantas al diseñar plantaciones para la restauración ecológica, ya que el mismo número de especies puede tener resultados diferentes para los niveles tróficos superiores en función de sus relaciones filogenéticas. Adicionalmente, se destaca la comparación entre ambos métodos de obtención de datos, tanto el DNA metabarcoding como las

técnicas taxonómicas morfológicas tradicionales tienen sus ventajas y desventajas. Por lo que, la elección del método adecuado depende de los objetivos específicos de la investigación y de las características de la muestra en cuestión.

Referencias

- Abdala-Roberts, L., Mooney, K.A., Quijano-Medina, T., Campos-Navarrete, M.J., González-Moreno, A. y Parra-Tabla, V. (2015), Comparison of tree genotypic diversity and species diversity effects on different guilds of insect herbivores. *Oikos*, 124: 1527-1535. <https://doi.org/10.1111/oik.02033>
- Austin, A. D., Yeates, D. K., Cassis, G., Fletcher, M. J., La Salle, J., Lawrence, J. F., McQuillan, P. B., Mound, L. A., J Bickel, D., Gullan, P. J., Hales, D. F. y Taylor, G. S. (2004). Insects “Down Under” -Diversity, endemism and evolution of the Australian insect fauna: Examples from select orders. *Australian Journal of Entomology*, 43(3), 216–234. <https://doi.org/10.1111/j.1326-6756.2004.00448>.
- Barral, M. P., Rey Benayas, J. M., Meli, P. y Maceira, N. O. (2015). Quantifying the impacts of ecological restoration on biodiversity and ecosystem services in agroecosystems: A global meta-analysis. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 202, 223-231. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2015.01.009>
- Barton, K., E. y K., Boege. (2017). Future directions in the ontogeny of plant defense: understanding the evolutionary causes and consequences. *Ecology Letters*. 20: 403-411. <https://doi.org/10.1111/ele.12744>
- Beng, K. C., Tomlinson, K. W., Shen, X. H., Surget-Groba, Y., Hughes, A. C., Corlett, R. T. y Slik, J. W. F. (2016). The utility of DNA metabarcoding for studying the response of arthropod diversity and composition to land-use change in the tropics. *Scientific Reports*, 6(1), 24965. <https://doi.org/10.1038/srep24965>
- Cadotte, M., W. (2013). Experimental evidence that evolutionarily diverse assemblages result in higher productivity. *Proc Natl Acad Sci U S A* 110:8996–9000. <https://doi.org/10.1073/pnas.1301685110>
- Castagneyrol, B., H., Jactel, C., Vacher, E., G., Brockerhoff y J., Koricheva. 2014. Effects of plant phylogenetic diversity on herbivory depend on herbivore specialization. *Journal of Applied Ecology*. 51: 134-141.
- Catterall, C. P., Kanowski, J., Wardell-Johnson, G., Proctor, H. y Reis, T. (2004). Quantifying the biodiversity values of reforestation: design issues and outcomes in Australian forest landscapes. En *Conservation of Australia's forest fauna* (pp. 359–393). Royal Zoological Society of New South Wales.
- Cavender-Bares J, Cavender N. (2011). Phylogenetic structure of plant communities provides guidelines for restoration. En: Greipsson S (ed) *Restoration ecology*. Jones and Bartlett Learning, LLC, Sudbury/Mississauga/Londres, pp 119–129. DOI: 10.1111/j.1461-0248.2009.01314.x
- Christie, A.P. et al. (2020) Quantifying and addressing the prevalence and bias of study designs in the environmental and social sciences. *Nat. Commun.* 11, 6377
- Cooke, S.J. et al. (2018) Evidence-based restoration in the Anthropocene – from acting with purpose to acting for impact. *Restor. Ecol.* 26, 201–205

- Comisión Nacional de Áreas Naturales. (2006). Programa de conservación y manejo de la Reserva de la Biósfera de los Tuxtlas. Dirección General de Manejo para la Conservación y la Dirección Regional Centro y Golfo. México, D.F.
- Conanp-Semarnat (Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas - Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales). (2006). Programa de conservación y manejo de la Reserva de la Biosfera Los Tuxtlas. México, D.F.
- Cristescu, R. H., Frère, C. y Banks, P. B. (2012). A review of fauna in mine rehabilitation in Australia: Current state and future directions. *Biological Conservation*, 149(1), 60–72. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2012.02.003>
- Deagle, B. E., Jarman, S. N., Coissac, E., Pompanon, F. y Taberlet, P. (2014). DNA metabarcoding and the cytochrome c oxidase subunit I marker: not a perfect match. *Biology letters*, 10(9), 20140562. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2014.0562>
- Didham, R. K., Barker, G. M., Bartlam, S., Deakin, E. L., Denmead, L. H., Fisk, L. M., Peters, J. M. R., Tylianakis, J. M., Wright, H. R. y Schipper, L. A. (2015). Agricultural intensification exacerbates spillover effects on soil biogeochemistry in adjacent forest remnants. *Journal of Applied Ecology*, 52(1), 151-160. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.12371>
- Dinnage, R (2013) Phylogenetic diversity of plants alters the effect of species richness on invertebrate herbivory. *PeerJ* 1:e93. doi: 10.7717/peerj.93
- Ebeling, A., S., T., Meyer, M., Abbas, N., Eisenhauer, H., Hillebrand, M., Lange, C., Scherber, A., Vogel, A., Weigelt y W., W., Weisser.2014. Plant diversity impacts decomposition and herbivory via changes in aboveground arthropods. *PLOS ONE*. 9 (9).
- Elbrecht, V. y Leese, F. (2015). Can DNA-based ecosystem assessments quantify species abundance? Testing primer bias and biomass -sequence relationships with an innovative metabarcoding protocol. *PLoS One*, 10(7), e0130324. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0130324>
- Elbrecht V, Braukmann TWA, Ivanova NV, Prosser SWJ, Hajibabaei M, Wright M, Zakharov EV, Hebert PDN, Steinke D. Validation of COI metabarcoding primers for terrestrial arthropods. *PeerJ*. 2019 Oct 7;7:e7745. doi: 10.7717/peerj.7745. PMID: 31608170; PMCID: PMC6786254.
- Fagan, ME, Reid, JL, Holland, MB, Drew, JG, Zahawi, RA. How feasible are global forest restoration commitments? *Conservation Letters*. 2020; 13:e12700. <https://doi.org/10.1111/conl.12700>
- Funk, J., L., E., E., Cleland, K., N., Suding y E., S., Zavaleta. (2008). Restoration through reassembly: plant traits and invasion resistance. *Trends in ecology and evolution*. 23(12): 695-703. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(97\)00011-6](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(97)00011-6)
- Gann, G.D., McDonald, T., Walder, B., Aronson, J., Nelson, C.R., Jonson, J., Hallett, J.G., Eisenberg, C., Guariguata, M.R., Liu, J., Hua, F., Echeverría, C., Gonzales, E., Shaw, N., Decler, K., Dixon, K.W., 2019. International principles and standards for the practice of ecological restoration. Second edition. *Restor. Ecol.* 27, S1–S46. <https://doi.org/10.1111/rec.13035>
- Gellie, Nick y Breed, Martin y Mortimer, Peter y Harrison, Rhett y Xu, Jianchu y Lowe, Andrew. (2018). Networked and embedded scientific experiments will improve restoration outcomes. *Frontiers in Ecology and the Environment*. 16. 10.1002/fee.1810.
- Gliessman, SR. 2002. Agroecología: procesos ecológicos en agricultura sostenible. Turrialba, Costa Rica, CATIE. 359 p.

- Haddad, N.M., Crutsinger, G.M., Gross, K., Haarstad, K., Knops, J.M.H., Tilman, D., 2009. Plant species loss decreases arthropod diversity and shifts trophic structure. *Ecol. Lett.* 12, 1029–1039.
- Hagggar, J; Barrios, M; Bolaños, M; Merlo, M; Moraga, P; Munguia, M; Ponce, A; Romero, S; Soto, G; Staver, C; Virginio, E. 2011. Coffee agroecosystem performance under full sun, shade, conventional and organic management regimes in Central America. *Agroforestry Systems* 82: 285- 301.
- Harvey, E., Gounand, I., Wardle, D. A. y Altermatt, F. (2017). Bridging ecology and conservation: From ecological networks to ecosystem function. *Journal of Applied Ecology*, 54(2), 371-379. doi: 10.1111/1365-2664.12706
- Hertzog LR, Meyer ST, Weisser WW, Ebeling A. (2016). Experimental Manipulation of Grassland Plant Diversity Induces Complex Shifts in Aboveground Arthropod Diversity. *PLOS ONE* 11(2): e0148768. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0148768>
- Holl, K.D. et al. (2020) Applied nucleation facilitates tropical forest recovery: lessons learned from a 15-year study. *J. Appl. Ecol.* 57, 2316–2328
- INEGI. Censo de Población y Vivienda 2010. Principales resultados por localidad (ITER), 2010. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000296>
- Ji, Y., Ashton, L., Pedley, S. M., Edwards, D. P., Tang, Y., Nakamura, A., Kitching, R., Dolman, P. M., Woodcock, P., Edwards, F. A., Larsen, T. H., Hsu, W. W., Benedick, S., Hamer, K. C., Wilcove, D. S., Bruce, C., Wang, X., Levi, T., Lott, M., Emerson, B. C., ... Yu, D. W. (2013). Reliable, verifiable and efficient monitoring of biodiversity via metabarcoding. *Ecology letters*, 16(10), 1245–1257. <https://doi.org/10.1111/ele.12162>
- Jones Holly P., Jones Peter C., Barbier Edward B., Blackburn Ryan C., Rey Benayas Jose M., Holl Karen D., McCrackin Michelle, Meli Paula, Montoya Daniel y Mateos David Moreno 2018Restoration and repair of Earth's damaged ecosystemsProc. R. Soc. B.2852017257720172577 <http://doi.org/10.1098/rspb.2017.2577>
- Junker, R.,R., N., Bluthgen, A., Keller. (2015). Functional and phylogenetic diversity of plant communities differently affect the structure of flower visitor interactions and reveal convergences in floral traits. *Evol. Ecol.* 29: 437-450.
- Jurado-Rivera, J. A., Vogler, A. P., Reid, C. A. M., Petitpierre, E. y Gómez-Zurita, J. (2009). DNA barcoding insect-host plant associations. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 276(1657), 639–648. <https://doi.org/10.1098/rspb.2008.1264>
- Kettering, K.,M., K., K., Mercer, C., Reinhardt-Adams y J., Hines. (2014). Application of genetic diversity-ecosystem function research to ecological restoration. *Journal of Applied Ecology*. 51, 339-348. doi: 10.1111/1365-2664.12202
- Kostenko, O., Mulder, P. P. J., Courbois, M. y amp; Bezemer, T. M. (2016). Effects of plant diversity on the concentration of secondary plant metabolites and the density of arthropods on focal plants in the field. *Journal of Ecology*, 105(3), 647–660. <https://doi.org/10.1111/13652745.12700>
- Kraft NJB, Ackerly DD. (2010). Functional trait and phylogenetic tests of community assembly across spatial scales in an Amazonian forest. *Ecol Monogr* 80:401–422. <https://doi.org/10.1890/091672.1>
- Laroche O, Wood SA, Tremblay LA, Lear G, Ellis JI, Pochon X. 2017. Metabarcoding monitoring analysis: the pros and cons of using co-extracted environmental DNA and RNA data to assess

- Lean, C., Maclaurin, J. (2016). The Value of Phylogenetic Diversity. In: Pellens, R., Grandcolas, P. (eds) Biodiversity Conservation and Phylogenetic Systematics. Topics in Biodiversity and Conservation, vol 14. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-22461-9_2
- Lind, E. M., J. B. Vincent, G. D. Weiblen, J. Cavender-Bares, E. T. Borer. (2015). Trophic phylogenetics: evolutionary influences on body size, feeding, and species associations in grassland arthropods. *Ecology* 94:998–1009. DOI: 10.1890/14-0784.1
- Majaneva, M., Diserud, O. H., Eagle, S. H. C., Hajibabaei, M., y Ekrem, T. (2018). Choice of DNA extraction method affects DNA metabarcoding of unsorted invertebrate bulk samples. *Metabarcoding and Metagenomics*, 2, 1–12. <https://doi.org/10.3897/mbmg.2.26664>
- Majer, J. D. (2009). Animals in the restoration process —Progressing the trends. *Restoration Ecology*, 17(4), 315–319. <https://doi.org/10.1111/j.1526-100X.2009.00528.x>
- Martin, D.A. et al. (2020) Land-use history determines ecosystem services and conservation value in tropical agroforestry. *Conserv. Lett.* 13, e12740
- Martoni, F., I., Valenzuela y M., J., Blacket. 2021. On the complementarity of DNA barcoding and morphology to distinguish benign endemic insects from possible pests: the case of *Dirioxa pornia* and the tribe Acanthonevrini (Diptera: Tephritidae: Phytalmiinae) in Australia. *Insect Science*. 28: 261-270.
- Mazel, F., Pennell, M.W., Cadotte, M.W. et al. 2018. Prioritizing phylogenetic diversity captures functional diversity unreliably. *Nat Commun* 9, 2888. <https://doi.org/10.1038/s41467-01805126-3>
- McAlpine, C., Catterall, C. P., Nally, R. M., Lindenmayer, D., Reid, J. L., Holl, K. D., ... Possingham, H. (2016). Integrating plant- and animal-based perspectives for more effective restoration of biodiversity. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 14(1), 37–45. <https://doi.org/10.1002/16-0108.1>
- Meli, P. et al. (2017) A global review of past land use, climate, and active vs. passive restoration effects on forest recovery. *PLoS One* 12, e0171368
- Mendes, H., M., L., C., S., Paterno y A., Wilby. 2018. Stability lies in flowers: plant diversification mediating shifts in arthropod food webs. *PLoS ONE* 13(2).
- Millennium Ecosystem Assessment, 2005. *Ecosystems and Human Well-being: Synthesis*. Island Press, Washington, DC.
- Miller, J.T., Jolley-Rogers, G., Mishler, B.D. y Thornhill, A.H. (2018), Phylogenetic diversity is a better measure of biodiversity than taxon counting. *Jnl of Sytematics Evolution*, 56: 663667. <https://doi.org/10.1111/jse.12436>
- Montoya D, Rogers L, Memmott J.(2012). Emerging perspectives in the restoration of biodiversitybased ecosystem services. *Trends Ecol Evol* 27:666–672. DOI: 10.1016/j.tree.2012.07.004
- Montoya, J.M., Pimm, S.L., Solé , R.V., 2006. Ecological networks and their fragility. *Nature*, 259–264.
- Mouchet, M.A., S. Villéger, N.W.H. Mason y D. Mouillot. 2010. Functional diversity measures: an overview of their redundancy and their ability to discriminate community assembly rules. *Funct. Ecol.*, 24: 867-876.

- Moreira X, Abdala-Roberts L, Rasmann S, Castagneyrol B, Mooney KA. (2016). Plant diversity effects on insect herbivores and their natural enemies: current thinking, recent findings, and future directions. *Curr. Opin. Insect.* 14, 1-7. DOI: 10.1016/j.cois.2015.10.003
- Navarro-Cano, J., A., M., Governa, G., González-Barberá, V., M., Castillo. (2017). Restauración ecológica en ambientes semiáridos. Recuperar las interacciones biológicas y las funciones ecosistémicas.
- Navarro-Cano, J.A., Ferrer-Gallego, P.P., Laguna, E., Ferrando, I., Goberna, M., Valiente-Banuet, A. y Verdú, M. (2016). Restoring phylogenetic diversity through facilitation. *Restor.Ecol.* 24:449-455.
- Navarro-Cano, J.A., Goberna, M., Verdú, M. (2019). La facilitación entre plantas como herramienta de restauración de diversidad y funciones ecosistémicas. *Ecosistemas* 28(2): 20-31. DOI:10.7818/ECOS.1747
- Novotny, V., Miller, S. E., Baje, L., Balagawi, S., Basset, Y., Cizek, L., ... y Weiblen, G. D. (2010). Guild-specific patterns of species richness and host specialization in plant–herbivore food webs from a tropical forest. *Journal of Animal Ecology*, 79(6), 1193-1203. DOI:10.1111/j.1365-2656.2010.01728.x
- Ohgushi, T. (2016). Bottom-up and top-down mechanisms in terrestrial ecosystems. *Ecological Research*, 31(6), 819-826. doi: 10.1007/s11284-016-1391-7
- Ostertag, R., E., Sebastian-Gonzalez, R., Peck, T., Hall, J., Kim, N., DiManno, D., Rayome, S., Cordell, P., Banko y A., Uowolo. 2020. Linking plant and animal functional diversity with an experimental community restoration in a Hawaiian lowland wet forest. *Food Webs* 25.
- Pashkevitch, E. (2022). Nine actions to successfully restore tropical agroecosystems. *Agroforestry Systems*, 96(1), 35-45. <https://doi.org/10.1007/s10457-021-00716-5>
- Peterson, G., C. R. Allen, C. S. Holling. (1998). Ecological resilience, biodiversity, and scale. *Ecosystems* 1:6–18. <https://doi.org/10.1007/s100219900002>
- Peterson, G., C. R. Allen, C. S. Holling. (1998). Ecological resilience, biodiversity, and scale. *Ecosystems* 1:6–18. <https://doi.org/10.1007/s100219900002>
- Pornon, A., Escaravage, N., Burrus, M., Holota, H., Khimoun, A., Mariette, J., Pellizzari, C., Iribar, A., Etienne, R., Taberlet, P., Vidal, M., Winterton, P., Zinger, L., y Andalo, C. (2016). Using metabarcoding to reveal and quantify plant-pollinator interactions. *Scientific Reports*, 6, 27282. <https://doi.org/10.1038/srep27282>
- Price, P., W. (2002). Resource-driven terrestrial interaction webs. *Ecological Research* 17: 241-217.
- Rey Benayas, J., Bullock, J., 2012. Restoration of biodiversity and ecosystem services on agricultural land. *Ecosystems* 15, 883–899.
- Rivera-Martínez, L. G. (2020). La diversidad filogenética: una métrica para medir la biodiversidad. *Revista Chilena de Historia Natural*, 93(1), 7.
- Rodrigues, M.S., Morelli, K.A. y Jansen, A.M. (2017). Cytochrome c oxidase subunit 1 gene as a DNA barcode for discriminating *Trypanosoma cruzi* DTUs and closely related species. *Parasites Vectors* 10, 488. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2457-1>
- Rohr, R. P., Saavedra, S., Bascompte, J., 2014. On the structural stability of mutualistic systems. *Science*. <https://doi.org/10.1126/science.1253497>.
- Rzanny, M., Voigt, W., 2012. Complexity of multitrophic interactions in a grassland ecosystem 511 depends on plant species diversity. *J. Anim. Ecol.* 81. 614–627.

- Scherber, C; Eisenhauer, N; Weisser, W W; Schmid, B; Voigt, W; Fischer, M; Schulze, E D; Roscher, C; Weigelt, A; et al., (2010). Bottom-up effects on plant diversity on multitrophic interactions in a biodiversity experiment. *Nature*. 468: 553-556.
- Serrana, J., M., M., Y., Miyake, M., Gamboa, K., Watanabe. (2019). Comparison of DNA metabarcoding and morphological identification for stream macroinvertebrate biodiversity assessment and monitoring. *Ecological Indicators*. 101: 963-972.
- Shaw, J., L., A., L., J., Clarke, S., D., Wedderburn y T., C., Barnes. 2016. Comparison of environmental DNA metabarcoding and conventional fish survey methods in a river system. *Biological Conservation*. 197: 131-138.
- Shoener, S., C., Chisholm y T., J., Davies. (2015). The phylogenetics of succession can guide restoration: an example from abandoned mine sites in the subarctic. *Journal of Applied Ecology*. 52: 1509-1517.
- Smith, M. A., Fisher, B. L. y Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding for effective biodiversity assessment of a hyperdiverse arthropod group: The ants of Madagascar. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1825–1834. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1714>
- Soto, M. (2004). El clima. En S. Guevara, J. Laborde y G. Sánchez-Ríos (Eds.), *Los Tuxtlas. El Paisaje de la Sierra* (pp. 195–198). Instituto de Ecología, A.C. y Unión Europea, Xalapa, Ver. México.
- Srivastava, D.S., Cadotte, M.W., Macdonald, A.A.M., Marushia, R.G., Mirotchnick, N. (2012). Phylogenetic diversity and the functioning of ecosystems. *Ecol. Lett.* 15, 637–648. DOI:10.1111/j.1461-0248.2012.01795.x
- Thébault, E., Fontaine, C., 2010. Stability of ecological communities and the architecture of mutualistic and trophic networks. *Science* 329, 853–856.
- Vaca-Sánchez, M.S., Maldonado-López Y., González-Rodríguez, A. et al. (2021). Canopy arthropod diversity associated with *Quercus laurina*: importance of an oak species diversity gradient on abundance, species richness and guild composition. *J Insect Conserv* 25, 859–874. DOI: 10.1007/s10841-021-00352-
- Van der Heyde, M., Bunce, M. y Nevill, P. (2020). Key factors to consider in the use of environmental DNA metabarcoding to monitor terrestrial ecological restoration. *Journal of Applied Ecology*, 57(6), 1136-1145. doi: 10.1111/1365-2664.13628
- Van der Heyde, M., Leempoel, K., Jacobsen, R. H., De Meyer, T., De Kegel, B. y Honnay, O. (2021). Evaluating restoration trajectories using DNA metabarcoding of ground-dwelling and airborne invertebrates and associated plant communities. *Molecular Ecology*, 30(6), 1437-1452.
- Verdú, M., L., Gómez-Aparicio, A., Valiente-Banuet. (2012). Phylogenetic relatedness as a tool in restoration ecology: a meta-analysis. *Proc.R.Soc.* 279, 1761-1767. doi: 10.1098/rspb.2011.2268
- Von Thaden, J., J., J., Laborde, S., Guevara, P., Mokondoko-Delgadillo. (2020). Dinámica de los cambios en el uso del suelo y cobertura vegetal en la reserva de la Biosfera Los Tuxtlas (2006-2016). *Rev.Mex.Biodiv.* 19. <https://doi.org/10.22201/ib.20078706e.2020.91.3190>
- Wang, X., Levi, T., Lott, M., ... Yu, D. W. (2013). Reliable, verifiable and efficient monitoring of biodiversity via metabarcoding. *Ecology Letters*, 16(10), 1245–1257. <https://doi.org/10.1111/ele.12162>

- Wardle, D. A., Bardgett, R. D., Klironomos, J. N., Setälä, H., van der Putten, W. H., Wall, D. H. (2004). Ecological linkages between aboveground and belowground biota. *Science*, 304(5677), 1629-1633. doi: 10.1126/science.1094875
- Webb CO, Ackerly DD, McPeck MA, Donoghue MJ .(2002). Phylogenies and community ecology. *Annu Rev Ecol Syst* 33:475–505.

Appendix. ¹Fotographic identification of viable selected arthropod morphospecies within the induced grasslands surrounded by remnants of tropical wet forest in “Los Amigos” cattle ranch between 2019 and 2021.

1. Acaridae



Amblyomma sp.



Amblyomma sp.



¹ . Araneae





Hyposinga sp.



Mycrathena sp.



Mycrathena sp.



Mycrathena sagittata





Zygoballus sp.





Argyrodes sp.



Microathena sp.



Larinia sp.



Acanthepeira sp.



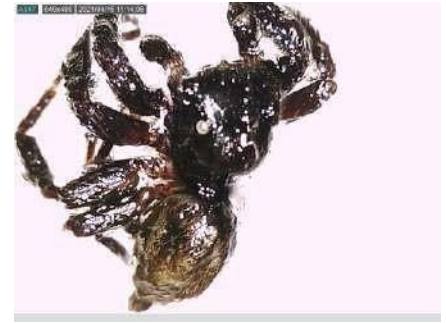




Gasteracantha cancriformis



Nesticodes sp.





Acacesia sp.



Oxyopes sp.





Oxyopes sp.

4. Blattodea



5. Coleoptera





Lema sp.



Omophoita sp.



Diabrotica pulchella



Longitarsus sp.



Calleida punctata



Anisostena sp.





Walterianella sp.



Malacorhinus irregularis



Leptinotarsa calceata



Colaspis sp.



Euplatypus sp.



Typophorus sp.



Alagoasa sp.



Diabrotica dissimilis



Stolas punicea





Belotus bicolor



Rophalapion sp.



Deloyala fuliginosa



Physonota alutacea





Colaspis sp.



Aeolus sp.



Chaetocnema sp.



Colaspis sp.



6. Dermaptera



Euborellia sp.

7. Diptera



Melanostoma sp.





DIP 24



DIP 33





8. Hymenoptera



Odontomachus sp.





Leptogenys sp.



Odontomachus sp.

Neivamyrmex sp.

Tetraponera sp.

Pseudomyrmex sp.





Camponotus sp.



Camponotus sp.



Conura sp.





Polistes instabilis



Conura sp.



9. Hemiptera



Planicephalus sp.



Nerthra sp.



Plesiommata tripunctata



Stirellus sp.



Collaria sp.





Macunolla sp.



Askra sp.



Stiretrus sp.



Aphrodes sp.





Stenocoris sp.



Myodocha sp.



Dysdercus sp.



Pseudopamera sp.



Antianthe sp.



Mozena sp.



Stirellus sp.

Zelus sp.



Jalysus sp.

Mormidea sp.

Phytocoris sp.



Acinopterus sp.



Acinopterus sp.



Askra sp.



Macunolla sp.



Curtara sp.



Pachygrontha sp.





Piezogaster sp.



Sinea sp.



Proxys sp.



Hortensia sp.



10. Isopoda



11. Lepidoptera





Fountainea halice



Opsiphanes tamarindi



Prepona lartess



Hamadryas februa



Ascalapha odorata



Thysania zenobia



Opsiphanes cassina



Callionima parce





Anaea pithyusa



Adelpha sp.



Junonia genoveva



Hermeuptychia sosybius



Eurema dina



Consul fabius



Anartia fatima

12. Mantodea



13. Neuroptera



Dicromantispa sp.

14. Orthoptera





Oecanthus sp.





Schistocerca sp.

15. Pseudoescorpionida



16. Escorpionida



Centruroides sp.



Centruroides sp.