

HISTORIA TAXONÓMICA DE LA SUBFAMILIA ENTIMINAE (COLEOPTERA: CURCULIONIDAE): UN VISTAZO A LOS CARACTERES

Jennifer C. Girón¹ y Nico M. Franz²

¹Estudiante de Maestría, ²Catedrático auxiliar, Departamento de Biología, Universidad de Puerto Rico, Recinto Universitario de Mayagüez, Mayagüez, Puerto Rico 00681- 9000, EEUU
entiminae@gmail.com y nico.franz@upr.edu

La familia Curculionidae (Coleoptera: Curculionoidea) con aproximadamente 51 000 especies descritas, es reconocida por su inestabilidad en la clasificación. Actualmente incluye entre seis y 18 subfamilias dependiendo de la autoridad taxonómica. Entre éstas, Entiminae agrupa el mayor número de especies (12 200 aproximadamente). En general son fácilmente reconocibles por su rostro corto y la cicatriz en las mandíbulas. Es un grupo cosmopolita, frecuentemente encontrado en campo y abundante en colecciones. La historia taxonómica del grupo comenzó con Linnaeus y la descripción del género *Curculio* en 1758, que agrupó cerca de 80 especies de picudos. Posteriormente, Schoenherr en 1826, agrupó a los actuales Entiminae como Gonatoceri: Brachyrhynchi, incluyendo a todos los gorgojos de pico corto. Para 1911, en la serie *Biología Centrali-Americana*, Sharp y Champion mencionan un único grupo llamado Otorhynchinae. Desde entonces se han reconocido entre una y cinco subfamilias que actualmente representan tribus de Entiminae. A partir de 1992 Thompson los considera como subfamilia, aunque posteriormente fueron nuevamente incluidos dentro Brachycerinae por Kuschel, y Lawrence y Newton. La última clasificación de Curculionoidea de Alonso-Zarazaga y Lyal en 1999, reconoce 55 tribus de Entiminae. Actualmente es un grupo monofilético apoyado por las antenas en forma de almohadilla y cuatro setas presentes en la mala maxilar, en las larvas. Los caracteres usados históricamente en la taxonomía del grupo, incluyen: posición del escrobo, presencia de lóbulo postocular, ausencia de cicatriz mandibular, entre otros. Este trabajo provee información de tales caracteres, sus estados y validez, y cómo pueden ser usados en reconstrucciones filogenéticas.