



Análisis filogenético de mariposas del género *Phoebis* del Parque Tezozómoc de la CDMX mediante el gen COI y su distribución geográfica.



Escuela Nacional Colegia de Ciencias y Humanidades Plantel Azcapotzalco

Hernández Delgadillo Diego Fernando

Mónica Martínez Lemus

Asesor: Villagrán Peñaflor

Erik Gustavo



Introducción:

El uso de los biocódigos como identificación de especies es de gran ayuda para el conocimiento de la biodiversidad de una zona, ya que se puede determinar un organismo con mayor confiabilidad, confrontándolo con la determinación por caracteres morfológicos. En este caso se analizaron las secuencias de los ejemplares identificados morfológicamente como *phoebis philea*.

Justificación:

Los insectos son uno de los grupos más importantes para de entender la magnitud de la biodiversidad, dentro de este grupo están los lepidópteros, teniendo una gran cantidad de especies y representando una gran importancia para la humanidad en distintos aspectos, por ejemplo su uso como indicadores de deterioro ambientales.

Problema

La identificación de especies resulta ser un faltante continuo en el conocimiento y entendimiento de la biodiversidad a nivel global y aun más local. La situación se agrava con lo subjetivo de las determinaciones morfológicas y de la necesidad de especialistas.

Objetivos:

- 1.-Determinar taxonómicamente mariposas del género *Phoebis* mediante criterios morfológicos de los ejemplares colectados.
- 2.-Conocer la variedad y distribución geográfica de mariposas del género *Phoebis*, colectados del Parque Tezozómoc de la CDMX.
- 3.-Incorporar la determinación taxonómica y geográfica, al análisis molecular del gen COI de los organismos colectados, contrastándolos con los registros en la base de datos del NCBI y Bold System.

Hipótesis

Si la determinación taxonómica a través de los criterios morfológicos y geográficos resulta subjetiva, entonces, el análisis de secuencias genicas, como la del gen COI nos proporcionara una proporción cuantitativa para la determinación taxonómica, permitiendo proponer las relaciones filogenéticas de la mariposa *phoebis*.



Método

Fase: 1. campo

Colecta

Determinación

Fase: 2. Laboratorio

Extracción de DNA

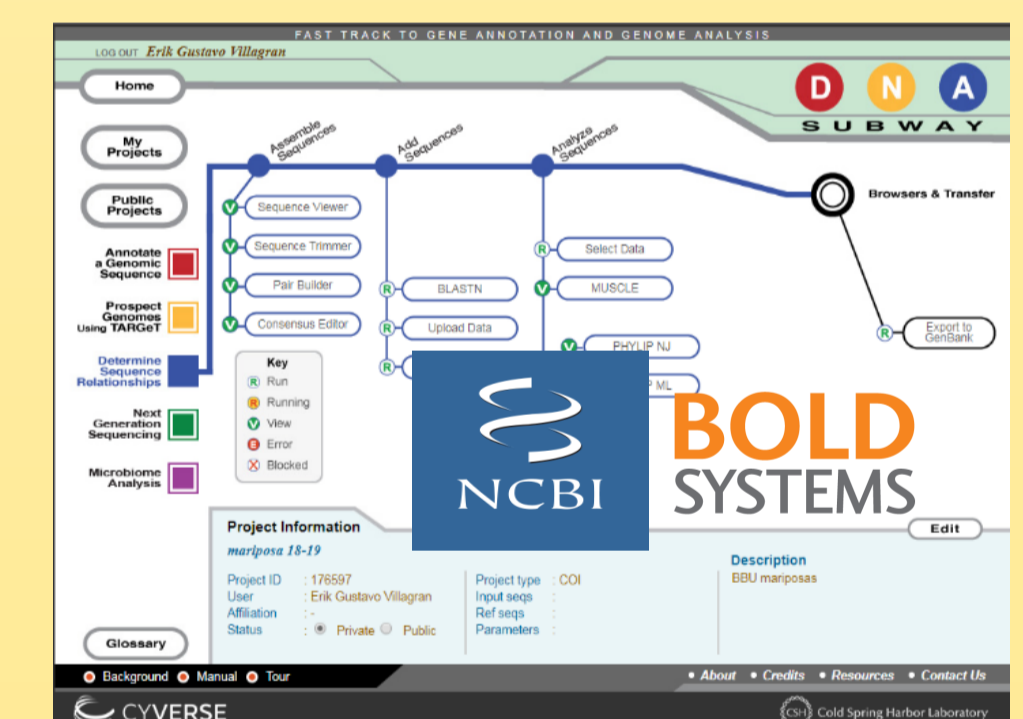
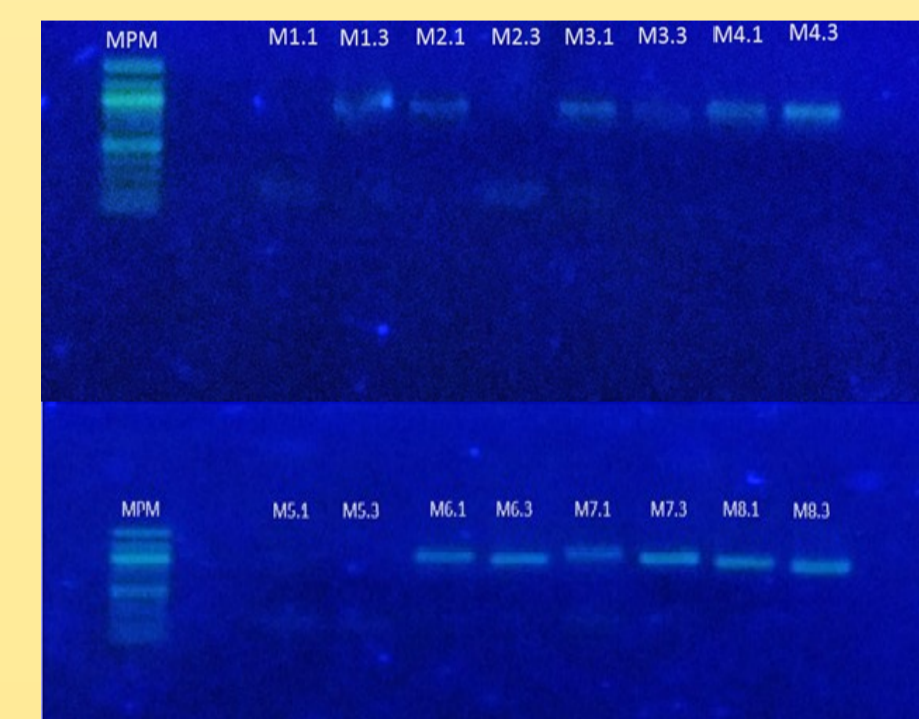
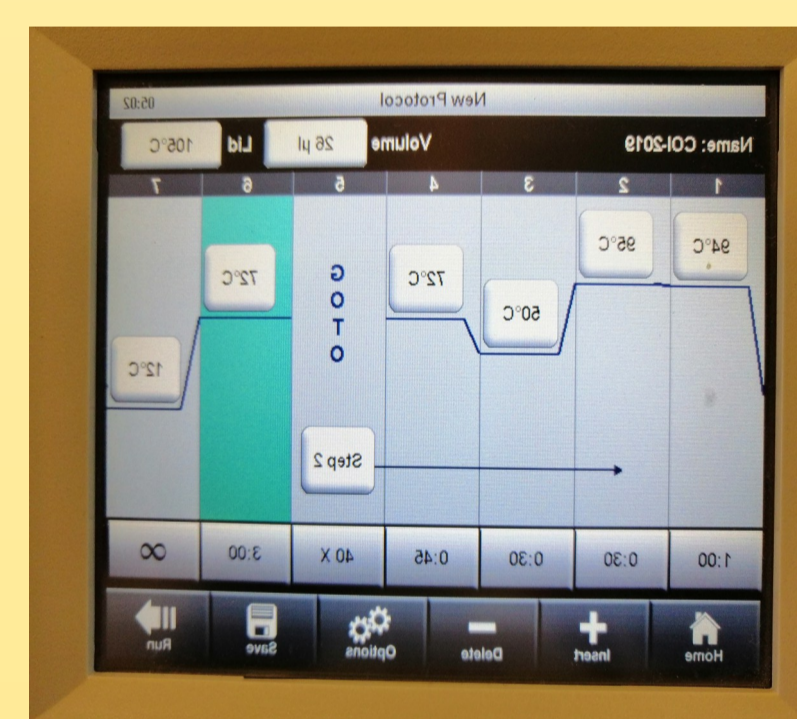
Amplificación (PCR)

Resolución de gel de

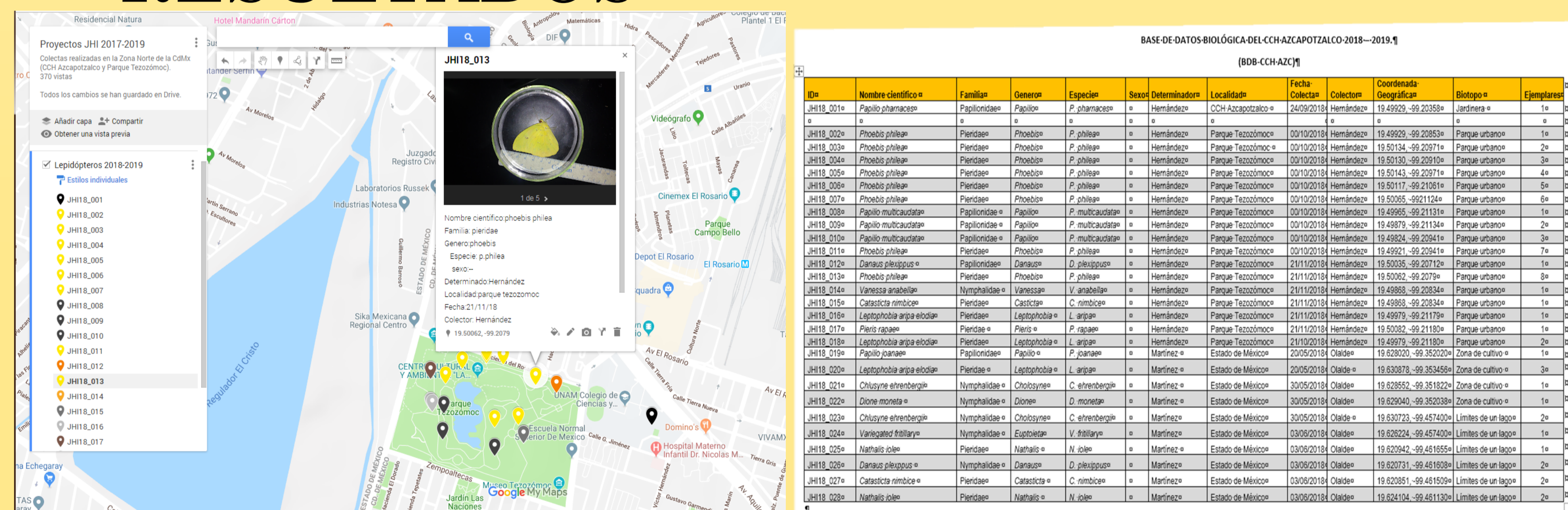
Fase: 3. Análisis

Secuenciación

Creación del árbol filogenético



RESULTADOS



ANÁLISIS DE RESULTADOS Y CONCLUSIONES

- Se colectaron un total de 18 organismos, registrándoseles los datos de colecta y coordenadas geográficas.
- Se determinaron por caracteres morfológicos y geográficos a los ejemplares colectados, de los cuales 8 pertenecen del genero *Phoebis*.
- Se elaboró una Base de Datos de los organismos colectados en Excel.
- Se procedió a construir el Mapa de Distribución Geográfica en Google Maps con los datos de colecta.
- Se amplifico un fragmento de la secuencia del gen COI del DNA extraído. Se secuencio y se realizo el análisis bioinformatico.
- se determino que las secuencias corresponden a *Phoebis philea*, sin embargo, la muestra del ejemplar JHI18_003 se distingue del resto de las secuencias restantes y las entradas encontradas por BLAST en el GeneBank. Esta evidencia nos permite suponer que los ejemplares analizados corresponden a la misma especie pero que las muestras que se separan, podrían pertenecer a organismos de una subespecie.

Referencias

1.-CONABIO, & SEDEMA. (2016). *La biodiversidad en la Ciudad de México* (Primera edición, Vol. 1). México: CONABIO/SEDEMA. Retrieved from http://www.biodiversidad.gob.mx/region/EEB/pdf/Volumen_1-cdmx_web.pdf

2.-Brock, J. P., & Kaufman, K. (2006). *Kaufman Field Guide to Butterflies of North America*. Houghton Mifflin Harcourt (HMH)