



COLEGIO DE CIENCIAS Y HUMANIDADES PLANTELEL AZCAPOTZALCO

Análisis filogenético de arácnidos de la zona Norte de la CD.MX. mediante el gen COI y su distribución geográfica



Integrantes: Hernández Gómez Carla y Martínez Carrillo Katherine

Asesor: Villagrán Peñafloer Erik Gustavo.

Introducción:

México cuenta con una Araneofauna muy diversa citándose hasta la fecha 64 familias 423 géneros y 2295 especies, sin embargo es difícil llevar a cabo la identificación taxonómica de este grupo de artrópodos. Así pues, en este proyecto se planteó realizar un análisis filogenético con regiones génicas específicas para la identificación de ejemplares colectados en una zona urbana, específicamente arácnidos de la Ciudad de México. Para ello se utilizó el gen de la subunidad I de la Citocromo C Oxidasa (COI) debido a su baja tasa de evolución. El cual es utilizado en el establecimiento de biocódigos de barras, es decir una secuencia corta de DNA tomada de una porción estandarizada del genoma para determinar de forma objetiva una especie.

Justificación:

Buscaremos contribuir a una determinación taxonómica de arácnidos de forma precisa por medio de caracteres moleculares, ya que, por medio de caracteres morfológicos resulta deficiente. La principal importancia del estudio de los arácnidos se sitúa en que son opciones viables para comprender el impacto de la urbanización, y por tanto sirven como un bioindicador de disturbio.

Objetivos:

- Determinar taxonómicamente a los arácnidos mediante criterios morfológicos de los ejemplares colectados.
- Conocer la variedad y distribución geográfica de los arácnidos colectados en la Zona Norte de la CDMX.
- Incorporar la determinación taxonómica y geográfica, al análisis molecular del gen COI de los organismos colectados, contrastándolos con los registros de la base de datos del NCBI y Bold System.

Problema:

Las brechas de conocimiento en nuestro sistema taxonómico y la escasas de taxónomos resulta en una clara desventaja ante nuestra basta biodiversidad de especies de arácnidos en la zona Norte de la CD.MX. Por ello se busca contribuir realizando un análisis filogenético de arácnidos a partir del gen COI para su identificación taxonómica.

Hipótesis:

Si la determinación morfológica de los arácnidos resulta deficiente para establecer una determinación taxonómica de dicha especie, entonces al realizar un análisis filogenético molecular a través del gen COI se lograra una mejor determinación taxonómica.

Método:

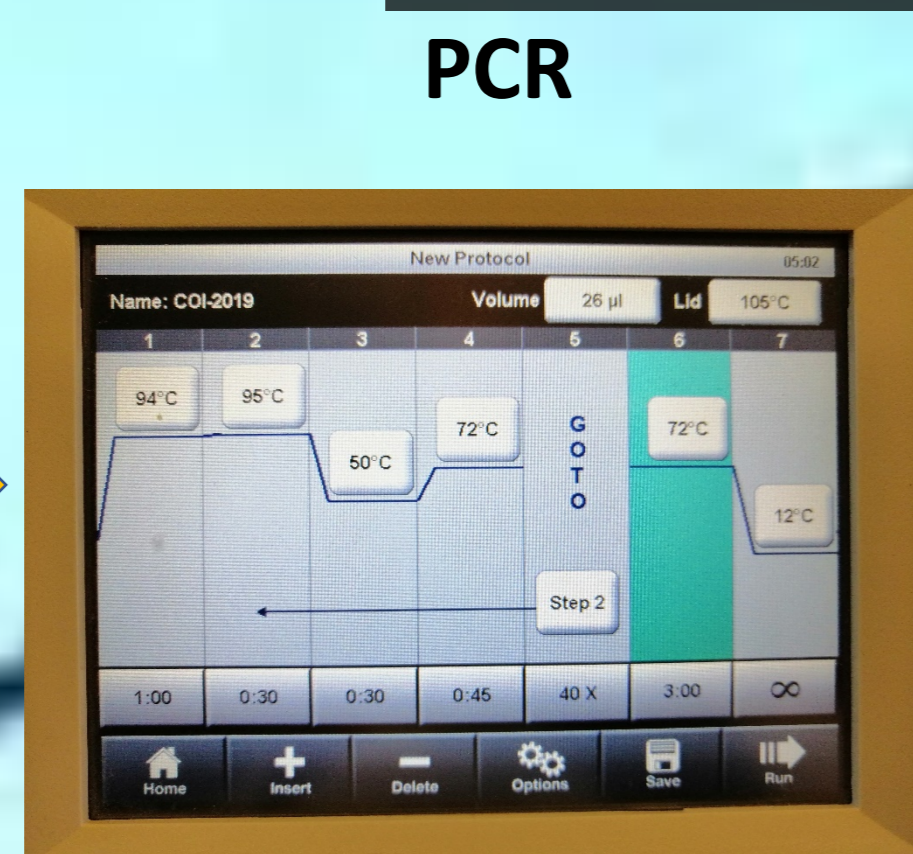
Fase 1: Colecta

Identificación taxonómica

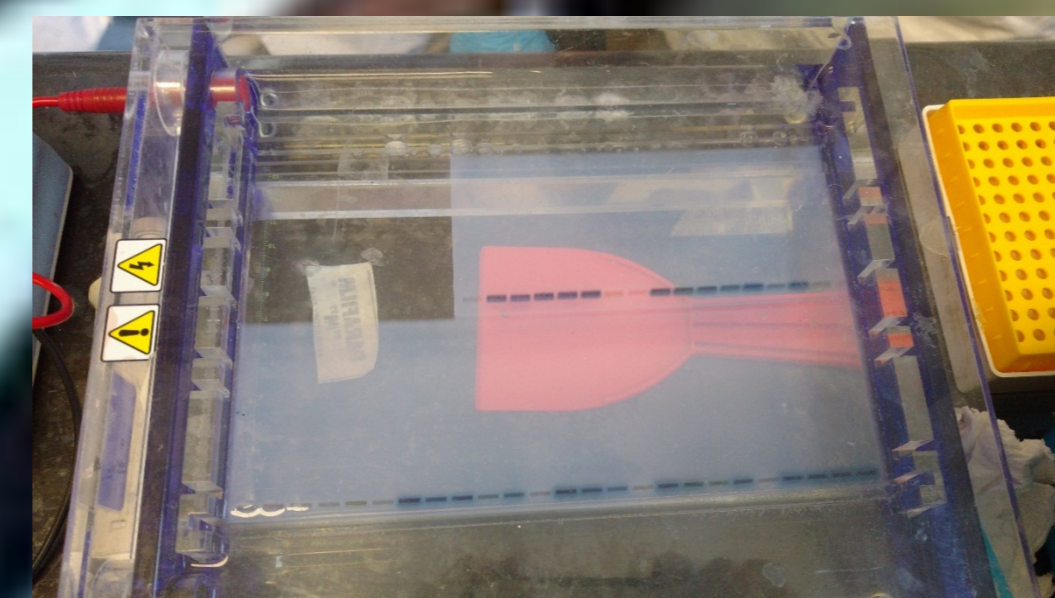


Fase 2: Laboratorio

Extracción de DNA

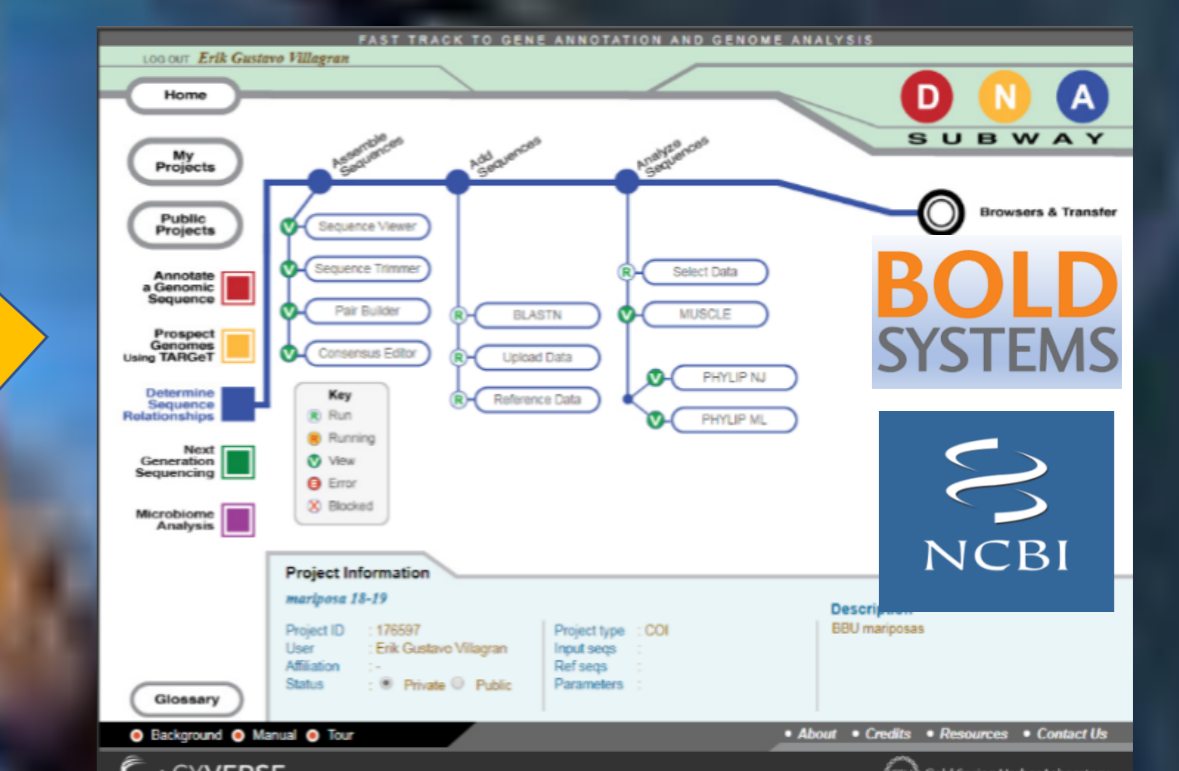


Electroforesis



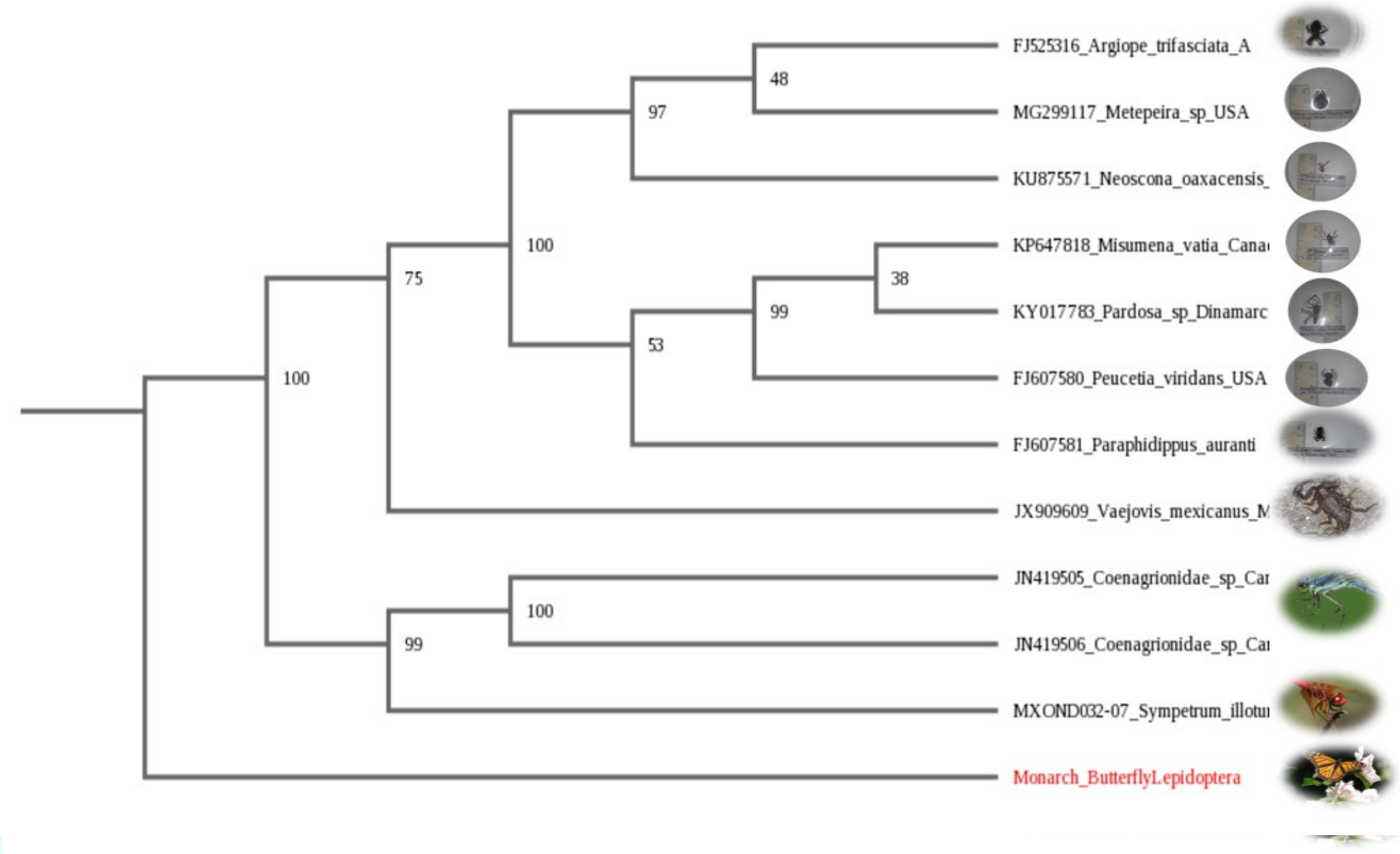
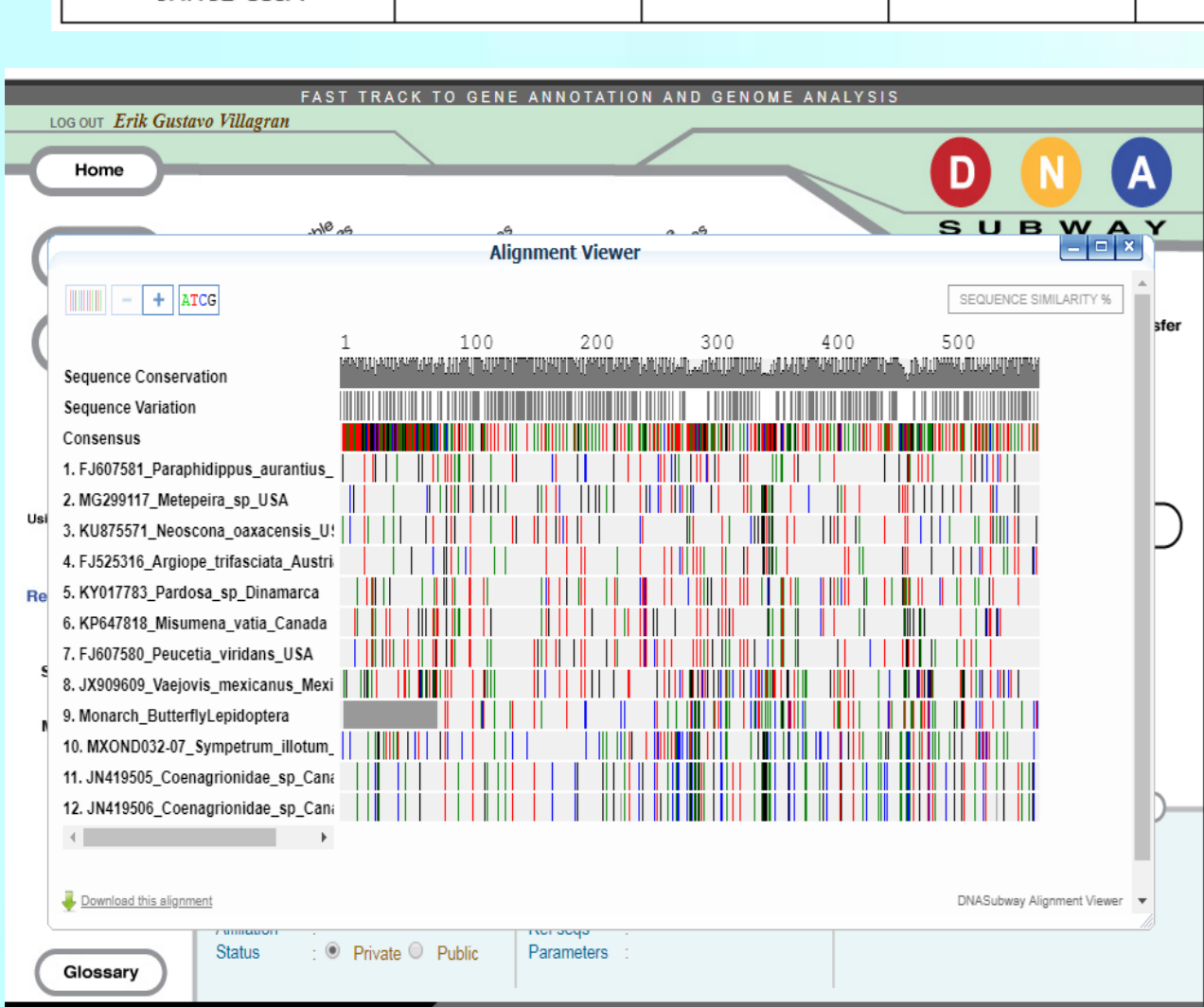
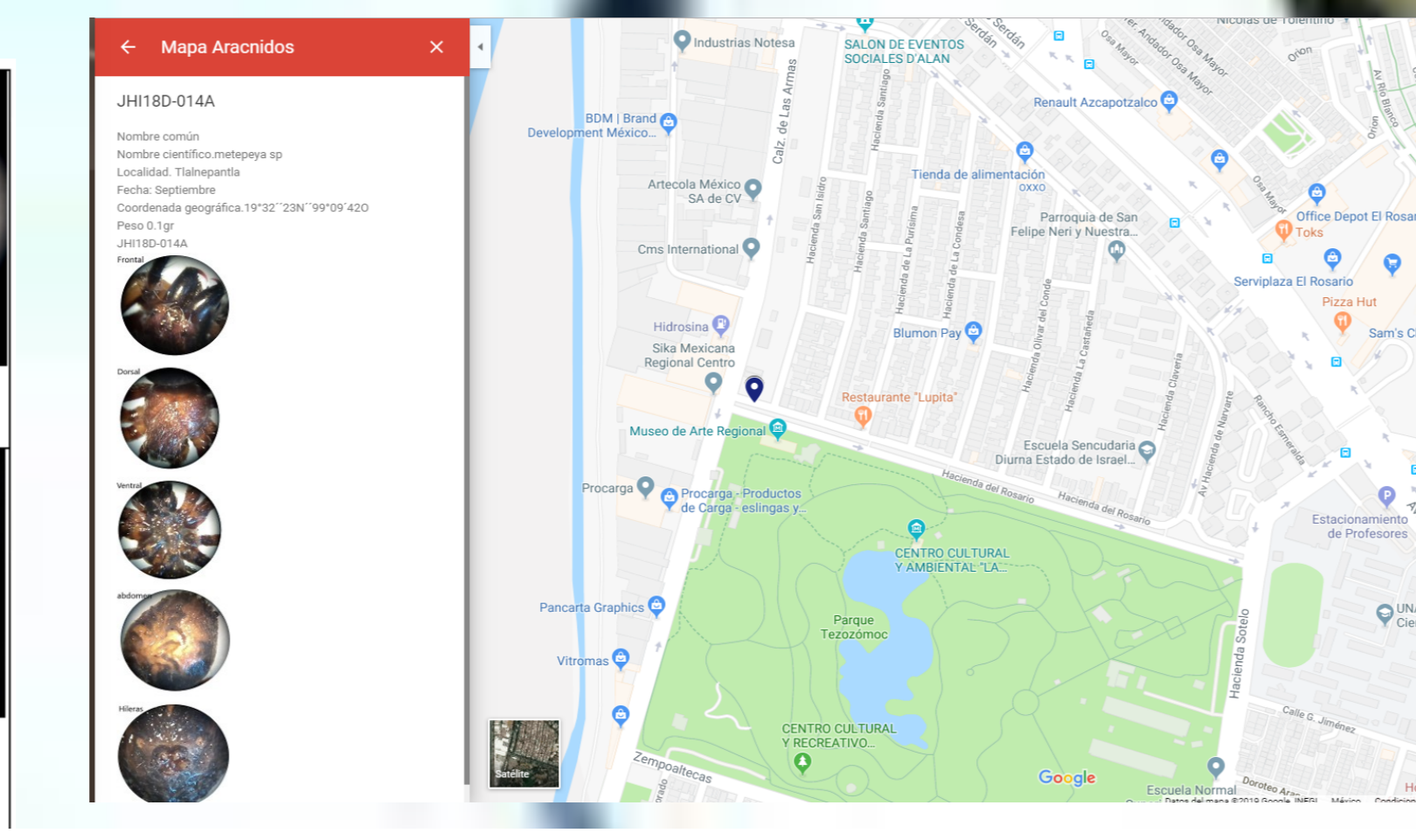
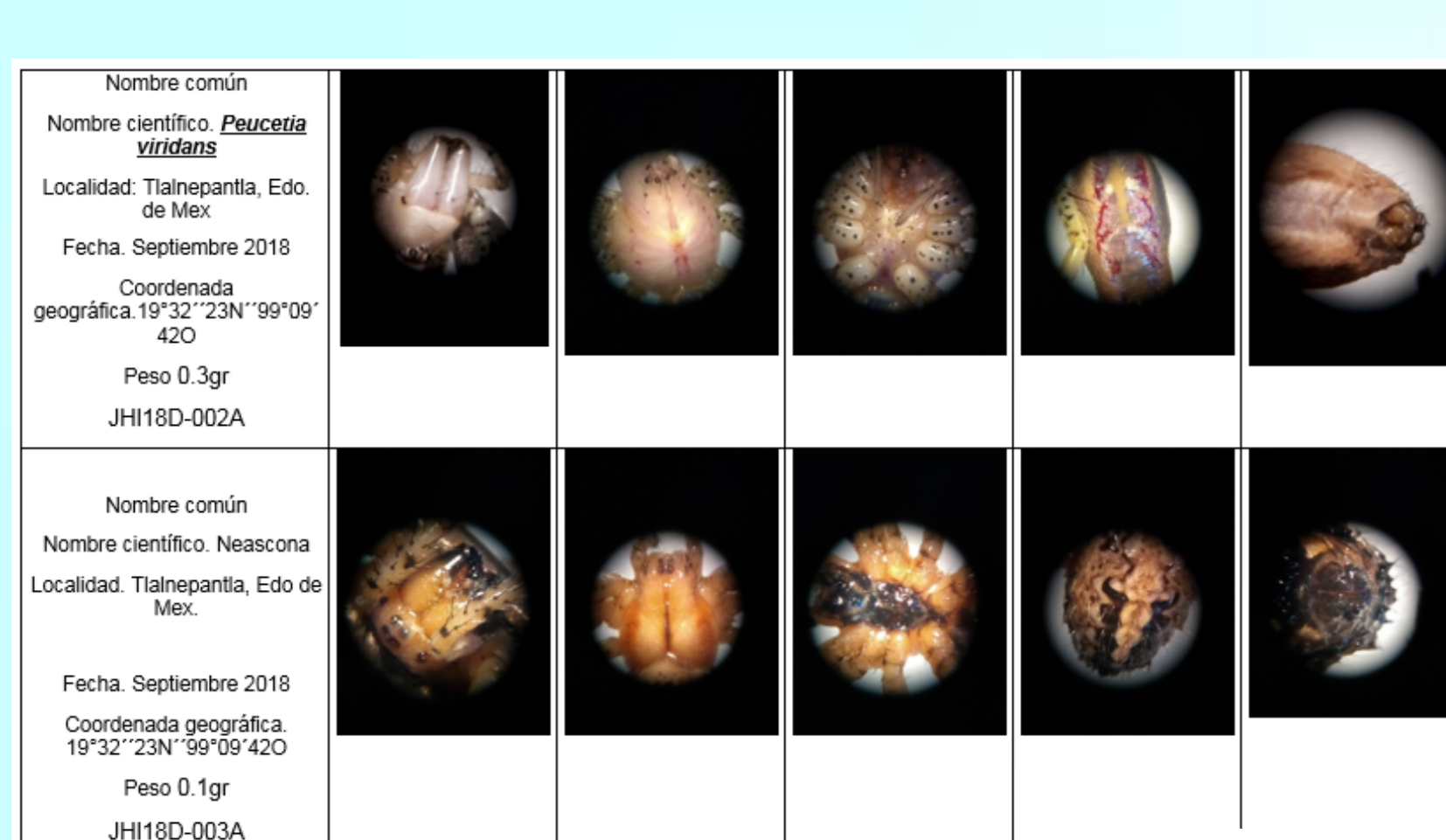
Fase 3: Análisis

Análisis bioinformático



Resultados:

Base de datos
Localización de los ejemplares colectados
Código de barras
Árbol filogenético construido por el método de NJ



Análisis de resultados y Conclusiones:

Se colectaron 30 ejemplares de arácnidos de los cuales a 10 individuos de la misma mono especie (*paucetia viridana*), registrándoseles datos de colecta. Con los cuales se procedió a realizar una base de datos en Excel y un posterior mapa de distribución geográfica digital en Google Maps.

- Se amplificó un fragmento de secuencia del gen COI mediante PCR. Cada muestra se analizó mediante electroforesis en gel, revelando que la amplificación fue negativa debido probablemente a una inadecuada conservación de ejemplares.
- Con los otro organismos colectados se llevo a cabo un análisis de diversidad biológica del sitio.
- En las bases de datos Gene Bank y Bold Systems se obtuvo la secuencia del gen COI para 8 especies de arácnidos que forman parte de las colectas realizadas, con la finalidad de compararlos para tener una idea de las relaciones evolutivas que presentan entre ellos.
- El árbol filogenético muestra que las especies de arañas colectadas en la zona de estudio pertenecen al suborden Araneomorphae, pertenecientes a la familia Araneidae y el inferior conformado por varias familias (Thomosidae, Lycosidae, Oxyopidae y Salticidae). Todas pertenecientes al suborden Araneomorphae. Lo cual permite observar el rango de diversidad encontrado en las zonas de estudio.
- Estas secuencias se compararon con varios organismos utilizados como grupos externos, con la finalidad de poder evidenciar las relaciones presentes entre los arácnidos colectados.

Referencias:

Agarwala, R., Barrett, T., Beck, J., Benson, D. A., Bollin, C., Bolton, E., ... Zbicz, K. (2016). Database resources of the National Center for Biotechnology Information. *Nucleic Acids Research*, 44(D1), D7–D19. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1290> Astrin, J. J., Huber, B. A., Misof, B., & Klütsch, C. F. C. (2006). Molecular taxonomy in pholcid spiders (Pholcidae, Araneae): Evaluation of species identification methods using COI and 16S rRNA. *Zoologica Scripta*. <https://doi.org/10.1111/j.1463-6409.2006.00239.x> Desales-Lara, M. A., Francke, O. F., & Sánchez-Nava, P. (2013). Diversidad de arañas (Arachnida: Araneae) en hábitats antropogénicos. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 84(1), 291–305. <https://doi.org/10.7550/rmb.31708> Greuter, W., Garrity, G., Hawksworth, D., Jahn, R., Kirk, P., Knapp, S., ... J. Tindall, B.

