



# El muérdago en la CdMx: Análisis genético por bio-códigos de barras.



Universidad Nacional Autónoma de México  
Colegio de Ciencias y Humanidades Plantel 1. Azcapotzalco

Balderas-Zúñiga Jessica Vianney, Rivera-Guerra Fernanda, Ortiz-Bautista Laura, Curiel-Rodríguez Kebrian Ricardo.

## INTRODUCCION

Estudios recientes han descrito una alta tasa de infección por el muérdago en la CdMx con una amplia incidencia en distintos hospederos (1). Uno de los lugares con alta presencia del muérdago es en el parque Tezozómoc.

Los estudios sobre el proceso de infección del muérdago se limitan a descripciones morfológicas de éste y su hospedero. Para un análisis a nivel genético se emplean los Biocódigos de barras

Los Biocódigos de Barras son secuencias de DNA cortas y estandarizadas; las cuales nos permiten identificar y conocer la relación entre especies e individuos a nivel genético(2).

Por otra parte, no se han reportado para especies en la CdMx, si hay una relación entre el índice variabilidad genético sobre la infección huésped-parásito. Por lo que, a una menor variabilidad genética por parte del hospedero influirá en un mayor índice de infección. Estos análisis se realizarán por medio del uso del Biocódigo de barras para el gene *rbcl* de cloroplasto (3).

## OBJETIVOS

- Obtener tejido foliar de muérdago y su hospedero (con un nivel de infección de 3 a 4 ).
- Generar un bio-código de barras para el muérdago y su hospedero.
- Identificar la especie por biocódigos.
- Cuantificar la variabilidad genética intrapoblacional del muérdago y su huésped.

## METODOLOGÍA

### ♦ COLECTA:

Se tomaron 15 muestras de muérdago distribuidos en 5 hospederos, del parque Tezozomoc delegación Azcapotzalco. Posteriormente se conservaron a -20 °C.

### ♦ Extracción de DNA:

Se extrajo el DNA de 20 muestras mediante una técnica rápida de aislamiento con el empleo de un filtro de papel Whatmann.

### ♦ PCR:

La amplificación del gene *rbcl* se emplearon los aligos (*rbcl*aF: ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGC y *rbcl*aR: GTAAAATCAAGTCCACCRG ) PCR, a 35 ciclos con la siguientes condiciones: Desnaturalización: 95°C durante 15 seg.

Alineamiento: 54°C por 15 seg.

Extensión: 72°C en 30 seg.

### ♦ Electroforesis:

La presencia del amplificado se realizó mediante una electroforesis en un gel de agarosa al 1.5% en TAE1X, a 70 volts por 90 minutos .

### ♦ Análisis de las secuencias:

Mediante el programa DNAsubway se realizaron el recorte y empalme de secuencias. El alineamiento de las secuencias fue con el programa Genious. El análisis de variabilidad genético intrapoblacional fue con el programa MEGA ( Molecular Evolutionary Genetics Analysis), con el algoritmo Kimura 2-p.

(4)

## RESULTADOS

### Presencia de la amplificación del gene *rbcl*.

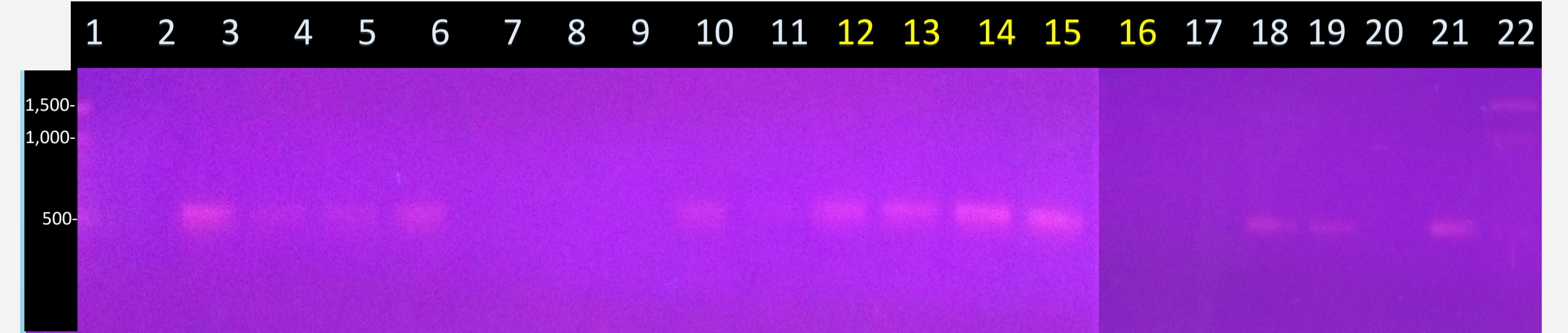


Figura 1: Gel de electroforesis para PCR. Pozo 1 y 22 Marcador Invitrogen™ TrackIt™ 100 bp DNA Ladder  
Pozos 2, 7, 8, 9, 16, 17, 20 no se aprecia la amplificación.  
Los resultados son visibles en los pozos 3, 4, 5, 6, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 18, 19 y 21.

### Identificación de especies de muérdago y huésped por Biocódigo de barras.

Clave Original	Nombre Científico	Pozo	Resultado de PCR	Resultado de Secuenciación
M3-H3	ND	2	-	-
M1-H5	<i>Struthanthus woodsonii</i>	3	+	+
M4-H3	<i>Struthanthus woodsonii</i>	4	+	+
M1-H1	<i>Struthanthus woodsonii</i>	5	+	+
M2-H7	<i>Struthanthus woodsonii</i>	6	+	+
M1-H3	ND	7	-	-
M1-H2	ND	8	-	-
M1-H7	ND	9	-	-
M1-H9	ND	10	+	-
M2-H1	ND	11	+	-
H3	<i>Salix bonplandiana</i>	12	+	+
H1	<i>Populus deltoides</i>	13	+	+
H6	<i>Populus deltoides</i>	14	+	+
H2	<i>Populus deltoides</i>	15	+	+
H7	ND	16	-	-
M2-H3	ND	17	-	-
M1-H6	<i>Struthanthus woodsonii</i>	18	+	+
M2-H6	ND	19	+	-
M3-H6	ND	20	-	-
M4-H6	<i>Struthanthus woodsonii</i>	21	+	+

### Hay variabilidad genética en la población de *Struthanthus woodsonii* por Biocódigo de barras

<i>Struthanthus woodsonii</i>					
<i>Struthanthus woodsonii</i>	0.0000000000				
<i>Struthanthus woodsonii</i>	0.0017977544	0.0017977544			
<i>Struthanthus woodsonii</i>	0.0017977544	0.0017977544	0.0000000000		
<i>Struthanthus woodsonii</i>	0.0017977544	0.0017977544	0.0000000000	0.0000000000	
<i>Struthanthus woodsonii</i>	0.0017977544	0.0017977544	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000

### No hay variabilidad genética en la población de *Populus deltoides* por Biocódigo de barras

<i>Populus deltoides</i>			
<i>Populus deltoides</i>	0.0000000000		
<i>Populus deltoides</i>	0.0000000000	0.0000000000	

## CONCLUSIONES

- Por medio de biocódigo de barras se identificaron dos especies de hospederos: *Salix bonplandiana* y *Populus deltoides*.
- Por medio de la generación de Biocódigo de barras se identificó una especie para muérdagos: *Struthanthus woodsonii*.
- Ha variabilidad genética en *Struthanthus woodsonii*.
- No hay variabilidad genética en *Populus deltoides*.
- No aceptamos ni rechazamos la hipótesis, pero si hay evidencia que da un indicio de que la poca variabilidad genética en el hospedero lo hace propenso a ser infectado por muérdago .

## REFERENCIAS

Motoo Kimura (1980). A Simple Method for Estimating Evolucionary Rates of Base Substitutions Through Comparstive Studies of Nucleotide Sequences . J.Mol.Evol. 16,111-120.

