

INTRODUCCIÓN

Un problema grave en el arbolado de la CdMx es el parasitismo que se presenta, debido al muérdago en zonas como el Parque Tezozómoc y el Bosque de Chapultepec. A pesar de que se han implementado medidas para erradicar al muérdago, estas han sido insuficientes (3). El fresno uno de los principales hospederos (2).

Dentro de sus características morfológicas se puede mencionar: que es caducifolio, alcanza una altura entre 15 a 20 metros, un fuste de un metro y presenta una longevidad de 80 - 100 años (1).

Nos planteamos si existe una correlación entre el nivel de variabilidad genética en las poblaciones del fresno de la CDMX (Parque Tezozómoc y Bosque de Chapultepec) a la infección por el muérdago mediante un análisis de Biocódigo 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(4).

OBJETIVOS

Generales

- Obtener el bio código de barras del fresno con el mayor índice de parasitismo por el muérdago en 2 zonas de la CDMX.

Particulares.

- Obtener muestras de DNA de los individuos colectados para realizar un código de barras del *rbcL* del cloroplasto y un análisis de microsatélites.
- Realizar un análisis con las secuencias del gen *rbcL* para identificar las especies de fresno.
- Analizar las secuencias de micro síntesis para medir la variabilidad genética.

METODOLOGÍA

COLECTA:

Se delimitaron dos zonas de estudio con la presencia de fresnos: Bosque de Chapultepec y el Parque Tezozómoc; se limpiaron y conservaron a 20°C.

ASLAMIENTO DNA:

Se realizó un corte del tejido foliar teniendo una medida de la goma de un lápiz, mediante el empleo de un disco de 3mm de Filtro Whatman.

DETECCIÓN DE LA AMPLIFICACIÓN :

Se realizó una electroforesis en un gel de agarosa las 1.5% sumergido en un amortiguador TAE1X a 70 volts durante 90 minutos. Se reveló por el uso de bromuro de etidio y luz ultravioleta.

PCR:

La amplificación del gen *rbcL*, se realizó con los oligos: (*rbcLaF*:ATGTCACCACAAACAGAGACTAAA GC; *rbcLaR*:GTAAAATCAAGTCCACCRCG) Para estudios posteriores los oligos de los microsatélites serán: (FEMSATL5-F:GGATTGAGATTCAATTTGCA; FEMSATL5-R:TCCGAGTGATGCCTACTCTA) (5)

SECUENCIAMIENTO:

Los tubos de PCR fueron transportados a BeADN a secuenciar.

ANÁLISIS DE SECUENCIA:

Las secuencias de DNA se recortaron y empalmaron con el portal DNA subway. El análisis de la variabilidad genética se empleó el programa MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) con el algoritmo Kimura 2-p.

RESULTADOS

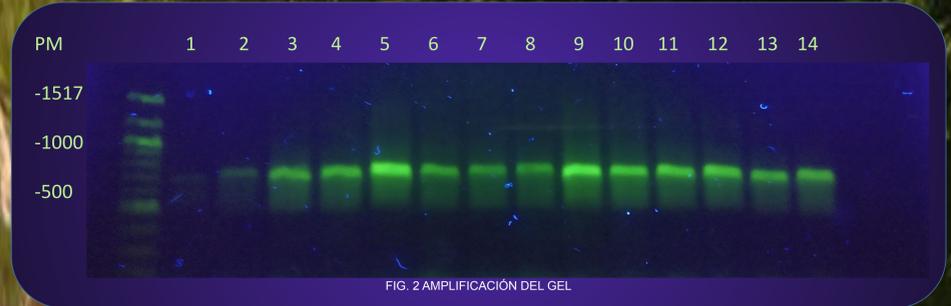


FIG. 2 AMPLIFICACIÓN DEL GEL

IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES

Clave individuo	Nombre científico	No. de pozo PCR	Porcentaje de Identidad
RBCL15	<i>Salix sp</i>	1	100%
RBCL16	<i>Salix sp</i>	2	100%
RBCL17	<i>Styphnolobium sp</i>	3	100%
RBCL20	<i>Schrebera sp</i>	4	100%
RBCL22	<i>Populus sp</i>	5	100%
RBCL24	<i>Ligustrum sp</i>	6	100%
RBCL25	<i>Populus sp</i>	7	100%
RBCL26	<i>Populus sp</i>	8	100%
RBCL29	<i>Chloratus sp</i>	9	97.78%
RBCL30	<i>Salix sp</i>	10	99.76%
RBCL31	<i>Ligustrum sp</i>	11	100%
RBCL32	<i>Schrebera sp</i>	12	100%
RBCL34	<i>Plumbago sp</i>	13	100%
RBCL38	<i>Pittosporum sp</i>	14	100%

NO HAY VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA POBLACIÓN DE *Salix* POR BIOCÓDIGO DE BARRAS

	1	2
<i>Salix</i>		
<i>Salix</i>	-0.000	
<i>Salix</i>	0.004	0.004

NO HAY VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA POBLACIÓN DE *Populus* POR BIOCÓDIGO DE BARRAS

	1	2
<i>Populus</i>		
<i>Populus</i>	-0.000	
<i>Populus</i>	-0.000	-0.000

CONCLUSIONES

- Los organismos del presente estudio son en su mayoría de la especie *Salix* y *Populus*.
- No se observó variación genética intrapoblacional en *Populus* y *Salix* del Parque Tezozómoc y del Bosque de Chapultepec.
- Se elaborará un estudio con microsatélites, para poder aceptar o rechazar la hipótesis

BIBLIOGRAFÍA

1. http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/info_especies/arboles/doctos/53-oleac1m.pdf. Última revisión: 17-enero-2018.4. Beramendi-Orosco, L. E., Hernandez-Morales s., Gonzalez-Hernandez G. y Constante-García V. (2013) Dendrochronological Potential of *Fraxinus Uhdei* and Its Use as Biindicator of Fossil CO₂ Emissions Deduced from Radiocarbon Concentrations in Tree Rings. *Proceedings of the 21st International Radiocarbon Conference (Part 1 of 2)*. Vol. 55: 833-840.
2. Marchal Valencia Diana (2009) El muérdago en la Ciudad de México. *Arbolama*. No. 2: 10-30-3. <https://www.publimetro.com.mx/mx/ciudad/2017/03/29/padecen-muerdago-30-arboles-cuahtemoc.html>. Última revisión: 17-enero-2018.
4. Kress, W. J.; García Robledo, C.; Uriarte, M. y Erickson, D. L. (2015). DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*. Vol. 30 No. 1
5. Identification and characterization of microsatellite loci in ash *Fraxinus excelsior*. (pág.1088)

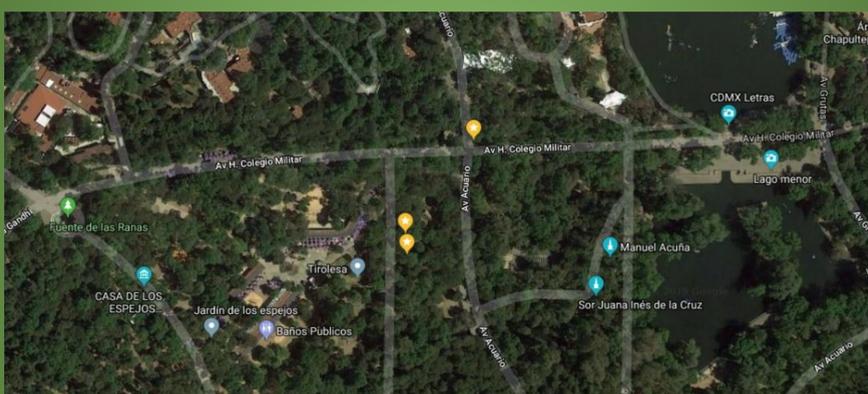


FIG. 1 MAPA DE UBICACIONES EN EL BOSQUE DE CHAPULTEPEC