

Códigos de barras de ADN de plantas en el noreste de México

Plant DNA Barcoding in Northwestern Mexico

Miguel Ángel Pérez-Rodríguez^{1*}, Lihua Wei², Valentín Robledo-Torres³, Flor Cristina Pacheco-Reyes⁴, Rosalinda Mendoza-Villareal³.

¹Departamento de Botánica, ³Departamento de Horticultura, ⁴Doctorado en Recursos Fitogenéticos para Zonas Áridas, Departamento de Fitomejoramiento, Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Calzada Antonio Narro 1923, CP 25315. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México, ²CBG-IPN.

*Autor para correspondencia: miguel_cbg@hotmail.com

RESUMEN

Los códigos de barras de ADN (CBA) son secuencias cortas (400-800 pares de bases) de una región estandarizada del genoma de cualquier organismo. Los CBA ayudan a asignar, descubrir, caracterizar o distinguir especies. En plantas, los CBA más utilizados son los fragmentos rbcL (ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa), matK (maturasa K) y los ITS2 (segundo espaciador transcrito interno). Debido a la necesidad de una identificación precisa de especies para su conservación y aprovechamiento existen iniciativas internacionales para codificar con CBA la biodiversidad del mundo y, poner estos datos a disposición del público. En este proyecto se incrementa la disponibilidad de CBA de plantas de interés económico y ecológico del noreste mexicano. Se han determinado CBA de plantas de las familias Asparagaceae (77 secuencias de 19 especies), Fagaceae (82 secuencias de 19 especies), Cactaceae (90 secuencias de 17 especies). Se han determinado 74 secuencias matK, 89 rbcL y 86 ITS2, las cuales han sido publicadas en bases de datos internacionales de acceso público, como el NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) donde hemos publicado 51 CBA de plantas o bien el Bold systems (<https://www.boldsystems.org/>) donde actualmente hemos publicado 173 CBA de plantas de nuestra región. Los análisis demostraron, en el caso de fagáceas, una agrupación consistente con el origen geográfico de las especies. El marcador con mayor poder discriminatorio cambia según el grupo taxonómico, por lo cual no puede haber un solo CBA universal. El proceso químico para la conservación de plantas en herbario afecta la eficiencia para obtener CBA y, esta afectación es diferente según el grupo taxonómico. Así mismo, hemos determinado CBA de plantas en una muestra de polen, lo cual nos permite determinar cuáles son las plantas que son ecológicamente relevantes para los polinizadores. Cabe mencionar que todas las secuencias generadas no existían previamente, por lo cual la información generada es nueva.

Palabras clave: Discriminación, identificación, secuencias, taxonomía.

