



Identificación y expresión de isoformas de proteasas cisteínicas de *Jacaratia mexicana* en *Escherichia coli*

Rosa Isela VÁZQUEZ LIZÁRRAGA, Noé Valentín DURÁN FIGUEROA, Jesús Agustín BADILLO CORONA, Juan ARANDA BARRADAS y María del Carmen OLIVER-SALVADOR

Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología, Departamento de Bioprocesos, Instituto Politécnico Nacional, México, D.F., C.P. 07340, México

Las proteasas cisteínicas (CPs) tipo papaína de la familia C1 son un grupo de enzimas ampliamente utilizadas en la industria. *Jacaratia mexicana*, especie de la familia *Caricaceae*, produce grandes cantidades de ellas. En efecto, las CPs de *J. mexicana* que han sido estudiadas muestran actividad alta en intervalos amplios de temperatura y pH. Por esto, el principal objetivo de este trabajo es identificar y expresar isoformas de CPs de *J. mexicana*. Para tal propósito, se realiza un análisis de expresión de genes codificantes de CPs, una biblioteca de cDNA con la tecnología Gateway y su control positivo con RT-RACE-PCR. Para el análisis de expresión, se analizaron hoja, pedúnculo, tallo, cuello, raíz, látex y semilla de la planta por RT-PCR, con iniciadores específicos para la amplificación de CPs. Para el control positivo se extrajo RNA total de las hojas de *J. mexicana*, y la RT-PCR se realizó con oligonucleótidos diseñados a partir de la alineación de los genes JmCP4 y JmCP5 codificantes de la isoforma cuatro y cinco de *J. mexicana*, respectivamente. La 3' y la 5'-RACE PCR se realizaron con iniciadores diseñados con base en la región interna encontrada con la RT-PCR. La construcción de la biblioteca se realizó con la tecnología Gateway. La mayor expresión del gen codificante de CPs se encontró en el látex y la raíz. Se obtuvieron tres secuencias JmCP1596 (345aa), JmCP1683 (238aa) y JmCP1696 (215aa), con identidad del 85 % con el gen CC23 de proteasa cisteínica de *Carica candamarcensis*, 69 % con una proteasa cisteínica de *Ricinus communis* y de 69 % con quimopapaína C6 de *Carica papaya*, respectivamente. La secuencia JmCP1596 contiene el motivo ERFNIN y la triada catalítica (Cys/His/Asn), lo que indica que existen al menos tres genes codificantes de CPs adicionales a los reportados.

ID_1089

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA



Comparación morfológica de híbridos naturales putativos y sus posibles especies parentales del género *Salvia*

Vianey ROBLERO LÓPEZ¹ y Eduardo CUEVAS GARCÍA²

Laboratorio de Ecología y Evolución de Interacciones Planta-Polinizador, Facultad de Biología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Ciudad Universitaria, Morelia, C.P. 58030, Michoacán, México

La hibridación natural es un fenómeno relativamente común en angiospermas y se ha demostrado que puede ser evolutivamente importante, ya que puede resultar en el intercambio de genes o introgresión entre las especies, e incluso puede dar lugar a la especiación híbrida. En este estudio debido al hallazgo de posibles híbridos naturales, detectados por su morfología (principalmente del cáliz y del pétalo floral), probablemente como resultado de las cruzas entre dos especies simpátricas, *Salvia elegans* y *S. fulgens*, se realizó una comparación de distintos caracteres florales y foliares y se evaluaron algunos componentes reproductivos de los híbridos. Se registraron mediciones de cuatro caracteres florales y tres caracteres vegetativos. En los posibles híbridos, se estimó la producción de frutos y semillas naturales y su viabilidad en condiciones controladas. Finalmente, se realizaron cruzas controladas entre los híbridos y las especies parentales. Por medio de un análisis discriminante que incluyó tanto los caracteres florales como vegetativos, se encontró que las dos especies parentales y los híbridos forman grupos separados y bien definidos. Los híbridos produjeron entre 60 y 250 frutos por planta pero la mayoría sin semillas y solo unos cuantos (2-10 frutos) presentaban semillas maduras. El 52 % de las semillas híbridas germinaron, y en las especies parentales la germinación osciló entre 70 y 88 %. Por último, no hubo producción de frutos cuando los híbridos fueron los receptores de polen independientemente del donador. Cuando los híbridos fueron donadores, se obtuvo una proporción de frutos del 15 % en *S. fulgens* y del 58 % en *S. elegans*. Actualmente estamos poniendo a germinar semillas de las especies parentales con la finalidad de hacer cruzas interespecíficas y comparar la morfología floral y vegetativa de los híbridos sintéticos con la de la población natural.

ID_1090

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA



Diversidad genética y estructura genética poblacional del plátano silvestre *Musa ornata* (Musaceae) en México

Mireya BURGOS-HERNÁNDEZ*, Dolores GONZÁLEZ HERNÁNDEZ y Gonzalo CASTILLO-CAMPOS
*mireya_bh14@hotmail.com

Red de Biodiversidad y Sistemática, Instituto de Ecología A.C., Xalapa, C.P. 91070, Veracruz, México

El plátano silvestre, *Musa ornata*, habita las regiones tropicales del sureste de México. La sobreexplotación de su hábitat ha restringido a esta especie a hábitats fragmentados, afectando su diversidad y estructura genética poblacional. El objetivo de este estudio fue conocer la diversidad y la estructura genética poblacional de *M. ornata* en México. Para ello se muestrearon el total de las poblaciones registradas para México y se usaron siete loci microsatélites. Para conocer la estructura genética poblacional, se realizó un AMOVA y se calcularon los estadísticos de F de Weir y Cockerham. Mediante el estimador de Nei se evaluó la diversidad genética. Además, se generaron dendogramas usando las distancias genéticas de Nei y el coeficiente de Jaccard. Finalmente, se realizó una prueba de Mantel para inferir posibles patrones de aislamiento por distancia. Los resultados revelaron bajos niveles de diversidad genética ($H_e = 0.26375$) y deficiencia significativa de heterocigotos (FIS , $FIT = 0.90$). El AMOVA reveló una diferenciación genética baja entre poblaciones ($FST = -2.08$). Sin embargo, se registraron 28 % de alelos privados, sugiriendo flujo génico limitado, mientras que la prueba de Mantel no fue significativa. Los resultados obtenidos están relacionados con una alta fragmentación y sobreexplotación de los ecosistemas tropicales, así como con la disminución de las poblaciones de polinizadores, disminuyendo con ello los niveles de flujo génico y de reproducción sexual. Esta situación genera una tendencia a la reproducción clonal, reduciendo los niveles de diversidad genética y la capacidad de respuesta de la especie a presiones selectivas.

ID_400

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA



Hibridación introgresiva de *Quercus castanea* (Fagaceae) a través de un gradiente de riqueza de especies de encinos rojos

Leticia VALENCIA-CUEVAS¹, Patricia MUSSALI-GALANTE², Daniel PIÑERO³, Elgar CASTILLO-MENDOZA¹ y Efraín TOVAR-SÁNCHEZ⁴

¹Posgrado en Ciencias Biológicas, A.P. 70-181; ²Departamento de Medicina Genómica y Toxicología Ambiental, Instituto de Investigaciones Biomédicas; ³Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, Coyoacán, C.P. 04510, México, D.F.

⁴Departamento de Sistemática y Evolución, Centro de Investigación en Biodiversidad y Conservación, Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Av. Universidad 1001, Col. Chamilpa, Cuernavaca, Morelos, C.P. 62209, México

El flujo genético multiespecies promueve la transferencia de material genético a través de los límites de las especies. Si bien este fenómeno es común en encinos, ha sido poco analizado. En los bosques templados mexicanos el alto número de especies de encino que coexisten de manera natural representa un escenario ideal para investigar las dinámicas de flujo genético en zonas híbridas multiespecies. En particular, *Quercus castanea* es una especie de encino rojo con distribución geográfica amplia en México, la cual presenta variabilidad morfológica atípica cuando ocurre en simpatria con otras especies de encinos rojos, lo cual sugiere que el proceso de hibridación es el responsable de la variación observada. En este estudio se evaluaron cinco poblaciones de *Q. castanea* (20 árboles por población reconocidas morfológicamente como “puros”) para determinar hibridación y la dirección de la introgresión con las especies de encinos rojos con quienes se establece en simpatria (*Q. crassifolia*, *Q. crassipes*, *Q. laurina*, *Q. mexicana*) a través de un gradiente de riqueza de especies de encinos rojos asociados. En total, 14 *primers* de microsatélites [seis nucleares (nSSRs) y ocho de cloroplasto (cpSSRs)] fueron utilizados para corroborar la identidad genética de los individuos de las poblaciones alopátridas puras, así como la identificación de los patrones de hibridación e introgresión de *Q. castanea* con sus especies de encinos rojos asociados. Los resultados sugieren que los individuos pertenecientes a las poblaciones alopátridas de cada especie de encino rojo forman grupos genéticos distintos. Además, sugieren que *Q. castanea* está involucrada en fenómenos de hibridación con sus especies asociadas y que los niveles y dirección de la introgresión varían dependiendo de la riqueza de especies de encinos rojos con los que se encuentra en simpatria.

ID_650

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA



Hibridación introgresiva en un sistema multiespecies de encinos blancos en México

Elgar CASTILLO-MENDOZA¹, Javier CASTAÑEDA-BAUTISTA², Leticia VALENCIA-CUEVAS², Patricia MUSSALI-GALANTE², Karen PLIEGO-VEGA³ y Efraín TOVAR-SÁNCHEZ²

¹Instituto de Ecología, Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México,

²Centro de Investigación en Biodiversidad y Conservación; ³Facultad de Ciencias, Universidad Autónoma del Estado de Morelos

En general, los encinos (*Quercus*) se caracterizan por presentar barreras reproductivas débiles, lo que facilita el fenómeno de hibridación interespecífica. En México, se ha documentado que *Q. glabrescens* es una especie que pueden hibridar con *Q. rugosa* en áreas de simpatría. *Q. glabrescens* es una especie con distribución geográfica amplia que se encuentra de manera natural en simpatría con diferentes especies de encinos blancos (e.g., *Q. laeta*, *Q. obtusata*, *Q. rugosa*, *Q. gregii*). En sitios de simpatría se han observado individuos con morfología atípica de *Q. glabrescens*, lo que pudiera sugerir que ha habido eventos de hibridación. En este estudio se evaluaron cinco poblaciones de *Q. glabrescens* (30 árboles por población reconocidas morfológicamente como “puros”) para determinar si los individuos con morfología atípica que crecen en simpatría con otras especies de encinos blancos son el resultado del flujo genético interespecífico. En total, ocho *primers* de microsatélites [cuatro nucleares (nSSRs) y cuatro de cloroplasto (cpSSRs)] fueron utilizados para corroborar la identidad genética de los árboles de las cinco poblaciones alopátridas puras (una por especie), así como la caracterización de los patrones de hibridación introgresiva de *Q. glabrescens* con sus especies de encinos blancos asociados. Resultados preliminares sugieren que los individuos pertenecientes a las poblaciones alopátridas de cada especie (*Q. glabrescens*, *Q. laeta*, *Q. obtusata*, *Q. rugosa*, *Q. gregii*) forman grupos genéticos distintos. Además, los datos genéticos soportan que los individuos con morfología atípica son el resultado del flujo genético interespecífico. Los niveles de flujo genético y la dirección de la hibridación introgresiva cambian entre zonas simpátridas.

ID_749

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA



Diversidad, relaciones genéticas y posible origen geográfico de *Cocos nucifera* L. distribuido en la costa Pacífico de América

Víctor Manuel de Jesús CANCHÉ EK¹, Verónica LIMONES BRIONES¹, Jesús Axayacatl CUEVAS SÁNCHEZ², Silvia Patricia COLUNGA-GARCÍA MARÍN¹ y Daniel ZIZUMBO VILLARREAL¹
*victormce@gmail.com

¹Unidad de Recursos Naturales, Centro de Investigación Científica de Yucatán, 97200, Mérida, Yucatán, México

²Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo, 56230, Chapingo, Estado de México, México

Evidencias arqueológicas, lingüísticas, etnobotánicas, etnohistóricas y genético-moleculares sugieren que *Cocos nucifera* fue introducido de las islas Filipinas, antes o después del arribo de los españoles. Sin embargo, los datos genéticos aún son limitados, particularmente para la costa americana del Pacífico, como para establecer hipótesis precisas sobre su procedencia geográfica y dinámica evolutiva posterior. Analizamos la diversidad, la estructura y las relaciones genéticas de las poblaciones de cocotero de las costas del Pacífico de América y de regiones que posiblemente fueron sus fuentes de germoplasma: Malayo-Filipina, Melanesia, Polinesia y Micronesia. Los objetivos del estudio fueron aportar evidencias sobre la estructura genética, la posible procedencia geográfica de las poblaciones del Pacífico de América y la dinámica evolutiva posterior a su introducción. Analizamos 60 poblaciones que incluyen la costa del Pacífico de México, Centroamérica, Panamá, África, la India, Malasia, Islas Filipinas, Melanesia, Polinesia y Micronesia. Se utilizaron 13 loci SSRs. La diversidad genética de México resultó similar al conjunto de acervos a nivel mundial. Las relaciones genéticas sugieren que las poblaciones del Golfo de México proceden del acervo Indo-Africano, mientras que las del Pacífico de los acervos Melanesio, Malayo-Filipino y Micronesio. También sugieren varias introducciones a ambas costas y su posterior difusión hacia Centroamérica y Panamá. Además, sugieren que hubo un efecto fundador, deriva génica inicial y un flujo génico posterior entre las poblaciones mexicanas, lo cual llevó a originar un centro secundario de diversidad en México.

ID_757

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA



Cocoteros con características morfofisiológicas silvestres creciendo en ambientes naturales en el sur de Panamá: evidencias genético-moleculares de su posible procedencia

Daniel ZIZUMBO VILLARREAL, Víctor Manuel de Jesús CANCHÉ EK, Verónica LIMONES BRIONES y Silvia Patricia COLUNGA-GARCÍA MARÍN

Unidad de Recursos Naturales, Centro de Investigación Científica de Yucatán, Mérida, C.P. 97200, Yucatán, México

Por más de un siglo persisten las preguntas de cuándo y cómo arribó el cocotero a las costas del Pacífico de América antes de la llegada de los europeos. Éstas son preguntas centrales en la evolución de esta especie. Evidencias históricas y moleculares sugieren que pudo arribar antes de 1514, procedente de las Filipinas. Sin embargo, evidencias arqueológicas, lingüísticas, etnobotánicas y etnohistóricas sugieren que fue introducido por los españoles después de 1514, mientras que datos moleculares indican que las poblaciones estudiadas proceden de las Filipinas. Exploramos sitios con registro etno-histórico directo de avistamientos de cocos entre 1524-1539, realizamos exploración etnobotánica y localizamos cuatro poblaciones que están creciendo en condiciones naturales en la línea de playa en islas y costa sur de Panamá, no estudiadas con anterioridad, con las características morfofisiológicas silvestres descritas para la especie, con estructura de edades incluyendo árboles mayores de 120 años. Tomamos muestras de hoja de entre 25 y 30 árboles y obtuvimos su ADN siguiendo a Echevarría y colaboradores, en 2005. Utilizamos 13 iniciadores de genes putativos SSR's, PCR y electroforesis estimamos diversidad, identidad genética y alelos exclusivos compartidos con poblaciones de Filipinas, Malasia, Micronesia, Polinesia y África. La mayor diversidad genética comparada con las poblaciones de Panamá y de Filipinas estudiadas con anterioridad, los mayores valores de identidad genética y los alelos exclusivos compartidos con poblaciones polinesias, indican que las poblaciones que descubrimos no proceden de Filipinas sino de Polinesia, pero subsiste la pregunta de si estas poblaciones se difundieron naturalmente como lo indican sus características morfofisiológicas silvestres o fueron introducidas por navegantes polinesios antes de 1514 como parte de sus abastecimientos de comida y agua dulce.

ID_768

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA



Genes asociados a la expresión sexual en una cícada mexicana

Nadia G SÁNCHEZ-COELLO^{1,2}, Jacel ADAME GARCÍA¹, Andrés RIVERA-FERNÁNDEZ³, Pablo OCTAVIO-AGUILAR⁴, Mauricio LUNA-RODRÍGUEZ⁵, Mario VÁZQUEZ-TORRES⁶ y Lourdes G. IGLESIAS-ANDREU²

¹Instituto Tecnológico de Úrsulo Galván, Carretera Cardel-Chachalacas km 4.5, Úrsulo Galván, Veracruz, México

²Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Av. de las Culturas Veracruzanas No.101, Col. Emiliano Zapata, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México

³Facultad de Ciencias Agrícolas-Xalapa, Universidad Veracruzana, Circuito Gonzalo Aguirre Beltrán s/n, Zona Universitaria, C.P. 91090, Xalapa, Veracruz, México

⁴Instituto de Investigaciones Biológicas, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Carretera Pachuca-Tulancingo km 4.5, Col. Carboneras, Mineral de la Reforma, Hidalgo, México

⁵Laboratorio de Alta Tecnología de Xalapa. Médicos Núm. 5, Col. Unidad del Bosque, C.P. 91010, Xalapa, Veracruz, México

⁶Centro de Investigaciones Tropicales, Universidad Veracruzana. Ex-Hacienda Lucas Martín Privada de Araucarias s/n, Col. Periodistas, C.P. 91019, Xalapa, Veracruz, México

Las cícadas son plantas dioicas sin diferenciación sexual en estadios juveniles. Esto no permite conocer cuál es la proporción sexual en las poblaciones. Muchas especies se encuentran amenazadas o en peligro de extinción debido a presiones antropogénicas sobre sus poblaciones, a su distribución restringida y su importancia comercial. Estos factores tienen un impacto directo sobre *Ceratozamia mexicana* Brongn., especie endémica de Veracruz. El objetivo de este trabajo fue determinar tempranamente el sexo en esta especie, ya que hasta la fecha ningún estudio de este tipo se ha llevado a cabo para esta especie, utilizando marcadores ISSR, como base para establecer estrategias de conservación y distribución a fin de asegurar la producción de semillas. Utilizando iniciadores UBC (856), se obtuvo una banda de 380 pb, la cual identifica tempranamente a machos de hembras, y también se logró aislar un marcador asociado al gen NEEDLY, implicado en el proceso de diferenciación sexual, utilizando marcadores SCAR. El polimorfismo ISSR detectado es importante en la identificación sexual de *C. mexicana*. Éste es el primer estudio que describe el desarrollo de marcadores SCAR de perfiles ISSR en esta especie para identificar tempranamente a los individuos de sexo masculino. En nuestro caso, el uso de cebadores sintetizados a partir de bandas específicas para los machos dio lugar a un nuevo marcador SCAR específico, que es homólogo al gen NEEDLY (NLY) en otras cícadas y gimnospermas. Con este trabajo se asientan las bases para en un futuro establecer protocolos de conservación basados en la identificación temprana del sexo para esta cícada y probar el marcador en otras plantas de la familia Zamiaceae, como por ejemplo *Dioon*, *Zamia* y *Ceratozamia*.

ID_998

Modalidad: presentación oral

Sesión OR11: GENÉTICA