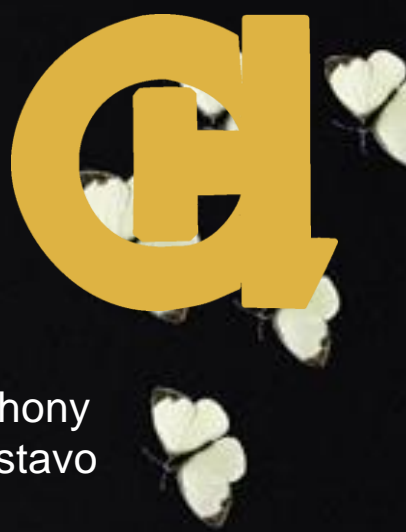




DETERMINACIÓN TAXONÓMICA DE LA MARIPOSA BLANCA DE LA COL MEDIANTE EL GEN *COI*; DEL PARQUE TEZOZOMOC, CDMX.



Integrantes: Díaz Ávila Andros Jesús, Basnett Vargas John Anthony
Asesor: Villagrán Peñaflor Erick Gustavo

INTRODUCCIÓN:

En animales el gen de la subunidad 1 de la citocromo C Oxidasa (*COI*) se ha utilizado para 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. Los lepidópteros son parte de la polinización y participan como bioindicadores de parámetros ambientales. Existen aproximadamente 165,000 especies de mariposas y polillas en el mundo, y su taxonomía no está del todo resuelta. En la CDMX los ejemplares identificados como "mariposa blanca de la col" abarcan los géneros *Leptophobia* y *Pieris*, por lo que analizaremos la secuencia del gen de la *COI* en ejemplares de *Leptophobia aripa* colectados en el Parque Tezozómoc con la finalidad de establecer sus relaciones filogenéticas con otros grupos emparentados.

JUSTIFICACIÓN:

La identificación de especies a través de caracteres morfológicos y datos geográficos ha sido insuficiente para resolver las relaciones filogenéticas en algunos grupos, por lo tanto, se ha recurrido al uso de secuencias génicas. Se ha propuesto el uso del gen de la *COI* como un marcador adecuado para identificar taxones. Este proyecto busca contribuir en el establecimiento de un biocódigo de barras para resolver el estatus filogenético de las mariposas blancas de la col.

OBJETIVOS:

- ❖ Comparar la secuencia del gen de *COI* de ejemplares de *Leptophobia aripa* del parque Tezozómoc con secuencias reportadas para la especie en BOLD systems y GenBank (NCBI).
- ❖ Proponer las relaciones filogenéticas de los ejemplares de *Leptophobia aripa* del parque Tezozómoc de la CDMX.

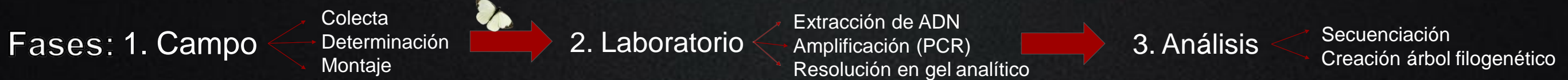
PROBLEMA:

¿Cómo contribuye el análisis filogenético de la mariposa blanca de la col, basado en la secuencia gen *COI* a su determinación taxonómica?

HIPÓTESIS:

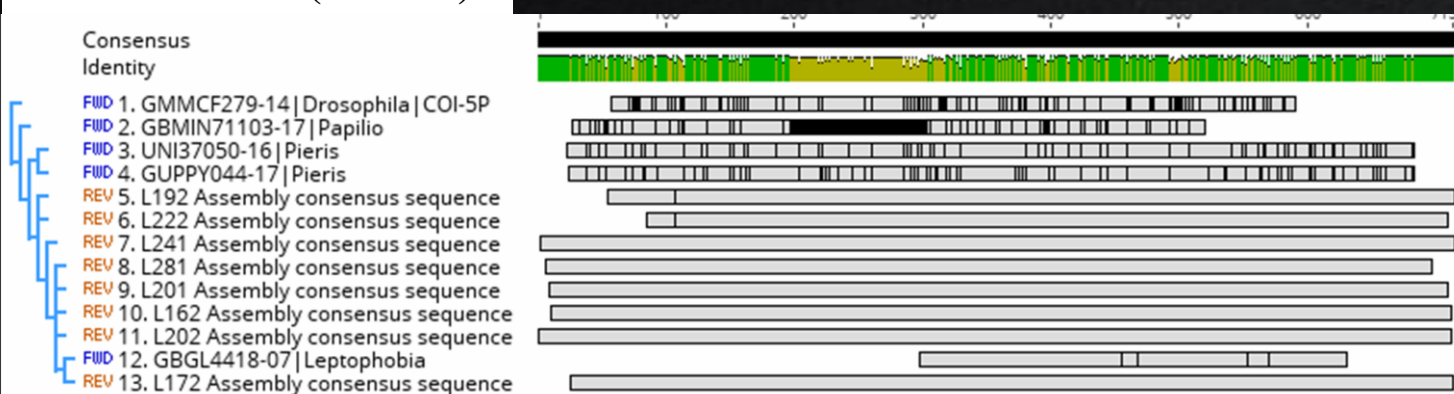
Si la determinación taxonómica a través de los criterios morfológicos y geográficos resulta subjetiva, entonces, el análisis de secuencias génicas, como la del gen *COI* nos proporcionará una comparación cuantitativa para la determinación taxonómica, permitiendo proponer las relaciones filogenéticas de la mariposa blanca de la col.

MÉTODO:

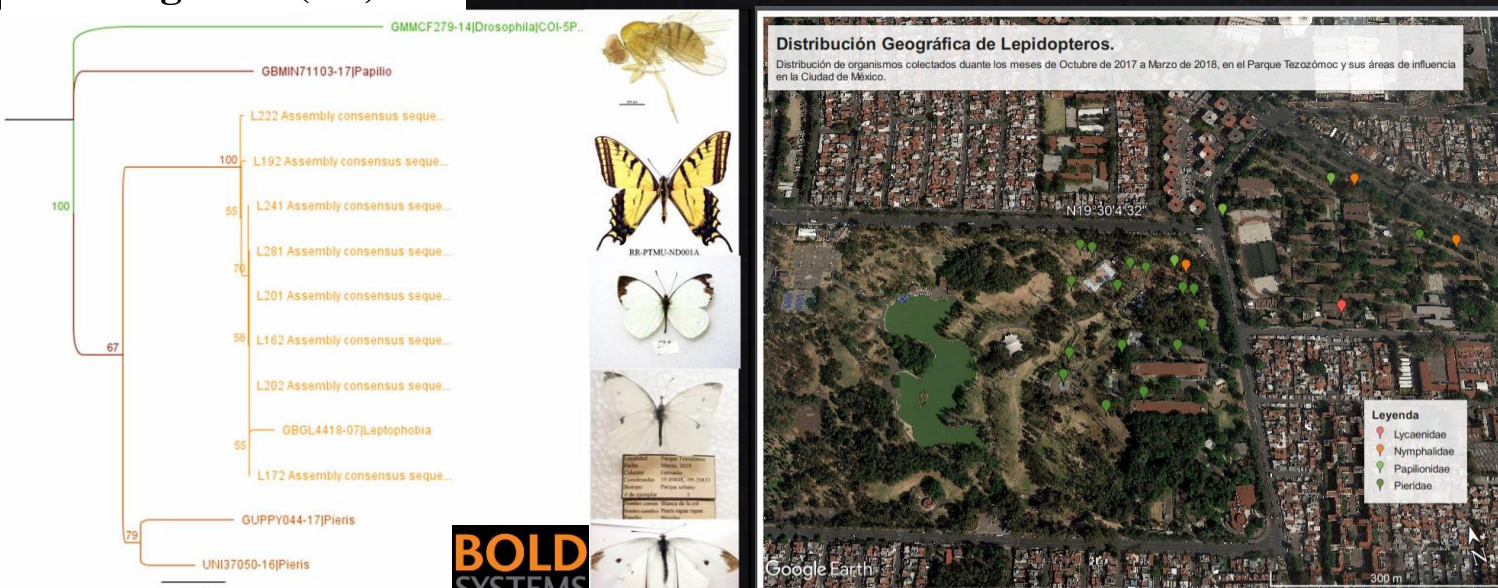


RESULTADOS:

Alineamiento (Muscle)



Filograma (NJ)



ANÁLISIS DE RESULTADOS Y CONCLUSIONES:

- Se confirmó la presencia de *Leptophobia aripa* en la localidad mediante caracteres morfológicos y geográficos.
- El árbol filogenético refleja las relaciones entre las secuencias recapitulando la propuesta de determinación taxonómica a base de morfología.
- El gen de *COI* es biocódigo suficiente para determinar el género *Leptophobia* en los ejemplares colectados.

REFERENCIAS

1. RATNASINGHAM, S. & Hebert, P. D. N. 2007 BOLD: The Barcode of Life Data System. (www.barcodinglife.org). Mol. Ecol. Notes 7, 355-364
2. FLOYD, R., E ABEBE, A. PAPERNA & M. BLAXTER. 2002. Molecular barcodes for soil nematode identification. Mol. Ecol. 11: 839-850.
3. BLAXTER, M., J. L. 2004. The promise of DNA taxonomy. Phil. Trans. R. Soc. B 359: 669-680.
4. LANTERI, A. A. 2007 Código de barras del ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la entomología. Rev. Soc. Entomol. Argent. 66 (3-4): 15-25.
5. <http://waste.ideal.es/primeramariposas.htm>