

BIODIVERSIDAD DEL GÉNERO *Pycnoporus* EN MÉXICO

Coronel, L., Villegas, E. Universidad Autónoma del Estado de Morelos, Centro de Investigación en Biotecnología, Cuernavaca, Morelos. CP. 62209, elbav@uaem.mx.

Palabras clave: *Pycnoporus*, Filogenia, Molecular.

Introducción. Los hongos del género *Pycnoporus* pueden presentar características morfológicas variables dentro de la misma especie por distintos factores por lo que la identificación morfológica es poco fiable. En México, se determinó que *P. sanguineus* es la única especie reportada, sin embargo, no hay estudios moleculares que lo avalen. Por otra parte, hay reportes de *Pycnoporus coccineus* donde se ha encontrado la presencia de fenoxazinona sintasa siendo, hasta ahora, la única especie del género (2); esta es una enzima que fue identificada por primera vez en la producción de antibióticos en *Streptomyces antibioticus* ya que utilizan a las lactonas pentapéptidas ácidas y al 4-metil-3-HAA como precursores para la síntesis de actinomicinas, además también se sabe que comparte varias características bioquímicas y estructurales con las lacasas, enzimas presentes en el género *Pycnoporus*. La importancia de seguir estudiando a esta enzima y su papel en *Pycnoporus coccineus* es por su capacidad para generar nuevos antibióticos o derivados de actinomicina-D. En hongos se han usado diferentes marcadores moleculares para evaluar la biodiversidad de especies tal como: regiones ITS o el gen β -tubulina y más recientemente el gen que codifica para lacasas (1). En México muy pocas cepas del género *Pycnoporus* han sido identificadas mediante técnicas moleculares. No obstante existen dos trabajos donde tres cepas distintas fueron identificadas como *Pycnoporus sanguineus* mediante la técnicas moleculares.

El objetivo de este trabajo es diferenciar las especies de *Pycnoporus* spp. con el uso de las regiones ITS y los genes para β -tubulina, lacasas y fenoxazinona sintasa como marcadores moleculares para determinar la presencia de la especie *P. coccineus* en la colección HEMIM, CEIB-UAEM del Estado de Morelos.

Metodología. Las cepas fueron sembradas en medio agar HIT e incubadas a 28 °C. El método de extracción de ADN utilizado fue con base a Lomascolo *et al.*, 2002 (3). La amplificación por PCR se hizo con oligos prediseñados para la región ITS, y los genes que codifican para β -tubulina y lacasas (1), así como el gen de la fenoxazinona sintasa (2). Se enviaron los productos de PCR para su secuenciación a la Unidad de Síntesis y Secuenciación IBT-UNAM. Finalmente, se hicieron los análisis filogenéticos utilizando los programas 4Peaks y

la herramienta BLASTn, para la construcción de los árboles filogenéticos se usó el programa MEGA7.0.26.

Resultados. Se presentan los resultados para la cepa HEMIM-51 de *Pycnoporus*. Tanto los resultados del BLAST (Tabla 1) como el árbol filogenético con base en las secuencias β -tubulina (Figura 1).

Tabla 1. Resultados del análisis BLAST de las secuencias obtenidas de la región ITS y β -tubulina de la cepa HEMIM-51.

Región ITS			β -tubulina		
Cepa	% similitud	Identificación por el gen <i>lcc3-1</i> *	Cepa	% similitud	Identificación por el gen <i>lcc3-1</i> *
<i>P. sanguineus</i> INB PS1	96	---	<i>P. coccineus</i> MUCL 38523	85	<i>P. coccineus</i>
<i>P. coccineus</i> MUCL 38525	94	<i>P. coccineus</i>	<i>P. cinnabarinus</i> MUCL 38420	85	<i>P. coccineus</i>
<i>P. sanguineus</i> CBS 376.52	94	---	<i>P. coccineus</i> MUCL 38525	85	<i>P. coccineus</i>
<i>P. cinnabarinus</i> CBS 311.33	94	---	<i>P. coccineus</i> MUCL 38527	85	<i>P. cf. coccineus</i>
<i>P. coccineus</i> SC46	94	---	<i>P. sanguineus</i> IMB G05.10	85	<i>P. cf. coccineus</i>

Lesage-Meessen, L., *et al.* (2011)*

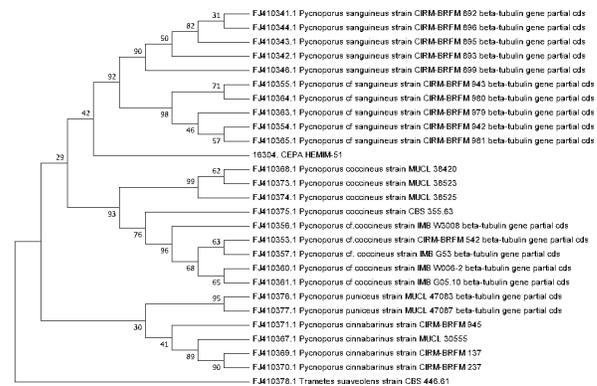


Fig. 1. Árbol filogenético de Máxima verosimilitud, con un bootstrap de 1000 interacciones, usando el método de Hasegawa-Kishino-Yano con base a las secuencias β -tubulina de la cepa HEMIM-51.

Conclusiones. Los resultados sugieren que se cuenta con una cepa afín a *P. coccineus* y podría tratarse de uno de los primeros reportes de esta especie en México, además podría ser alguna variante de esta especie.

Bibliografía.

1. Lesage-Meessen, L., *et al.* (2011), *FEMS Microbiol Lett.* Vol (325): 37-48.
2. Le Roes-Hill, M., Goodwin, C. y Burton, S. (2009). *Trends in biotechnology.* Vol (27) (4): 248-258.
3. Lomascolo, A., *et al.* (2002). *Mycol. Res.* Vol (106) (10): 1193-1203.
4. Barry, C., Nayar, E y Begley, T. P. (1989). *Biochemistry.* Vol (28) (15): 6323-6333.
5. Hwang, U. y Kim, W. (1999). *Korean J Parasitol.* Vol (37) (4): 215-228.