



IDENTIFICACION POR MEDIO DE MARCADORES MOLECULARES DE MACROMICETOS DEGRADADORES DE MADERA DEL “RANCHO EL ARCO” CINTALAPA, CHIAPAS.

Gómez-Sánchez, G.¹, Chanona-Gómez, F.¹, Arana-Cuenca, A.³, Pérez-Luna, Y.², Álvarez-Gutiérrez, P.²

¹ Facultad de Biología. Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas, 29000 Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, México.

² Universidad Politécnica de Chiapas. 29010. Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, México.

³ Laboratorio de Biotecnología. Universidad Politécnica de Pachuca. 43830. Zempoala, Hgo.

Correo electrónico: gabyjgomez@hotmail.com; peggy.alvarez@hotmail.com

Palabras clave: macromicetos, Chiapas, ITS

Introducción. Los hongos son organismos complejos que se encuentran ampliamente distribuidos en la Tierra. Presentan una importante actividad ecológica por ser los únicos descomponedores primarios que pueden atacar y degradar a la madera, esta capacidad les permite tener aplicaciones industriales en el área ambiental y de alimentos. Se calcula que en la Tierra hay más de 1,500,000 especies de hongos¹, para México 120,000² y para Chiapas se estiman 20,000 especies de las cuales solamente se tienen registradas 611 especies³. Para la identificación de los hongos, se estudian tanto los caracteres macroscópicos como microscópicos⁴. Actualmente, los métodos de detección y estudio de diversidad genética han añadido herramientas bioquímicas y moleculares que superan el dilema de los atributos morfológicos a estudiar. Los marcadores moleculares son una importante herramienta para el estudio de la organización del genoma, permitiendo detectar diferencias entre los individuos relacionados por su polimorfismo genómico⁵. El objetivo de este trabajo fue identificar hongos macromicetos degradadores de madera del Rancho el “Arco”, Cintalapa Chiapas, mediante marcadores moleculares ITS (Intragenic Secuencias) para contribuir al acervo del conocimiento de la diversidad micológica del estado de Chiapas.

Metodología. Los hongos fueron colectados en el Rancho “El Arco” en Cintalapa, Chiapas, de troncos de madera. Luego fueron identificados por medio de marcadores morfológicos y el uso de claves dicotómicas. La identificación molecular consistió en el análisis de amplificadas a partir de ADN genómico con marcadores ITS4 e ITS5. Los amplicones fueron secuenciadas por métodos convencionales y se contrastaron con una base de datos (Gene Bank).

Resultados. De nueve cepas los aislados M12 y M17 amplificaron fragmentos de aproximadamente entre 600 y 700 pb con los marcadores moleculares ITS4 e ITS (Figura 1). Los amplificados se compararon con las secuencias registradas en el GeneBank y los resultados de la comparación se presentan en la Tabla 1

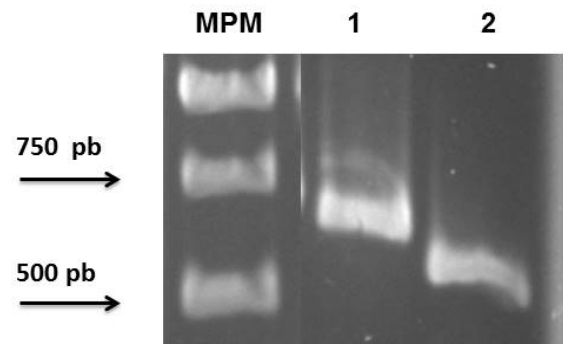


Fig. 1. Electroferograma de gel de agarosa 2% de amplificados de aislados M12 (carril 1) y M17 (carril 2). La sigla MPM indica el marcador molecular.

Tabla 1. Identificación molecular de los aislados

Aislado	Amplicón (pb)	Identificación
M12	752	<i>Schizophyllum commune</i>
M17	713	<i>Xylaria feejeensis</i>

Conclusiones. De acuerdo a la comparación en la base de datos, los amplificados con los marcadores moleculares ITS4 e ITS5 de ADN genómico de los aislados M12 y M17 se identificaron como *Schizophyllum commune* y *Xylaria feejeensis*, respectivamente.

Agradecimiento. A Tulio Bernabei y Rebeca Blanco por el apoyo para la colecta en el rancho “El Arco”.

Bibliografía.

- Hawksworth, D. L. 1991. *Mycol Res.* 95:641-655.
- Guzmán, G. 1997. Instituto de ecología. A.C. Xalapa, Veracruz, México. 356pp.
- Ruan-Soto, F y W. García-Santiago. 2013. En: Cruz, A.; Melgarejo, E.D.; Camacho, F.; Nájera, K. C. CONABIO y Gobierno de Chiapas, México. Pp. 243-258
- Chacón, S.; Guzmán, G.; Montoya, L.; Bandala, U.M. 1995. Instituto de Ecología, A.C. Xalapa, Veracruz, México. 142pp.
- Barcena, A.R. 2011. Tesis de Licenciatura en Biotecnología. Facultad de Química. Universidad Autónoma de Querétaro, México. 66pp