Marcadores moleculares para detección de orígenes geográficos

Análisis molecular de SSR, ISSR y secuencias de plástidos de *Ariocarpus kotschoubeyanus* y *Ariocarpus fissuratus*

Objetivo: Detectar marcadores moleculares que ayuden a ubicar la zona de origen de las plantas de estas dos cactáceas colectadas ilegalmente en México y Estados Unidos.

1. OBJETIVOS

- Generar perfiles moleculares con marcadores SSR, ISSR y secuencias de plástidos (matK, trnL–F, rps16, trnH–psbA).
- Evaluar la variación genética entre poblaciones naturales de *Ariocarpus kotschoubeyanus* (México) y *Ariocarpus fissuratus* (México y Estados Unidos).
- Asignar el origen geográfico de individuos colectados ilegalmente.
- Contribuir a la conservación y al combate del tráfico ilegal.

**Este es un proyecto conceptual y los datos aquí presentados son descriptivos únicamente*

2. ESPECIES DE ESTUDIO



Ariocarpus kotschoubeyanus

Endémica del centro-norte de México.

Estados: Coahuila, Nuevo León, Tamaulipas y Zacatecas

Hábitat: matorral xerófilo en laderas rocosas y planicies



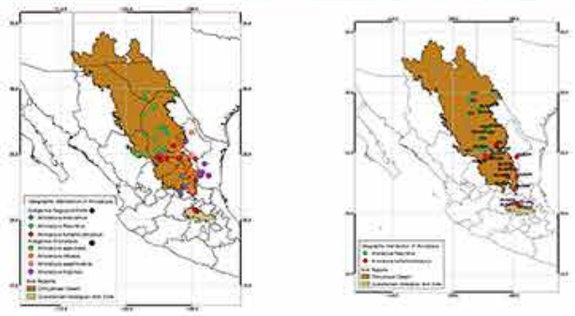
Ariocarpus fissuratus

Distribución: México y Estados Unidos.

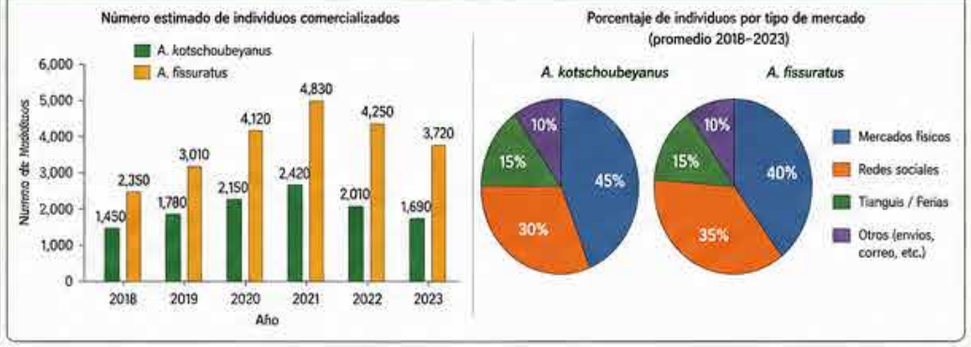
Estados: Coahuila, Nuevo León y Tamaulipas, México; y Texas, Estados Unidos.

Hábitat: mesetas y laderas de caliza

3. DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE LAS ESPECIES



4. TRÁFICO Y COMERCIO ILEGAL (2018–2023)

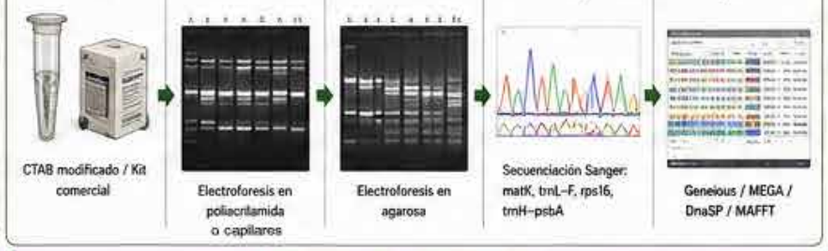


5. PROTOCOLO DE MUESTREO



1. Selección de poblaciones y sitios de muestreo.
2. Colecta de tejido vegetal (puntas de tubérculos).
3. Registro, etiquetado y conservación en sílica gel.
4. Transporte al laboratorio bajo cadena de custodia.

6. ANÁLISIS MOLECULAR



7. SISTEMA DE INFORMACIÓN Y BASE DE DATOS



8. EVIDENCIA DE COLECTA Y COMERCIO ILEGAL



Decomisos en campo | Mercados de plantas y tianguis | Redes sociales | Empaques y envíos | Custodia de ejemplares

9. PROTOCOLO DE ANÁLISIS ESTADÍSTICO

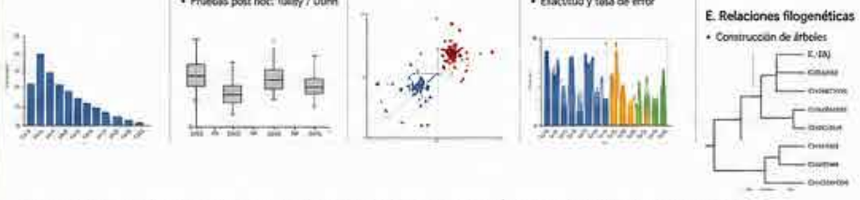
A. Explorar los datos
- Depuración y estandarización
- Análisis descriptivo
- Visualización

B. Comparaciones entre poblaciones (tratamientos)
- ANOVA o Kruskal–Wallis (índices de diversidad)
- Pruebas post hoc: Tukey / Dunn

C. Estructura genética
- F_{ST} y AMOVA
- Análisis BAYESIANO (STRUCTURE)
- PCA / DAPC

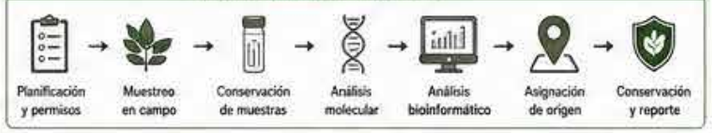
D. Asignación de origen (muestras desconocidas)
- Asignación BAYES (GeneClass2)
- Validación cruzada
- Exactitud y tasa de error

E. Relaciones filogenéticas
- Construcción de árboles



Software: R, GenAlEx, Arlequin, Structure, GeneClass2, MEGA, DnaSP | **Nivel de significancia:** $\alpha = 0.05$

10. FLUJO GENERAL DEL PROYECTO



11. RESULTADOS ESPERADOS

- ✓ Identificación de marcadores moleculares informativos.
- ✓ Diferenciación genética entre poblaciones y regiones.
- ✓ Asignación confiable del origen geográfico de ejemplares ilegales.
- ✓ Herramienta científica para apoyar a autoridades ambientales en decomisos y procesos legales.
- ✓ Contribución a la conservación de *Ariocarpus* spp.



12. APLICACIONES

Identificación forense vegetal | Apoyo legal en decomisos | Trazabilidad y certificación | Conservación in situ y ex situ | Educación y concientización

13. CONSIDERACIONES ÉTICAS Y LEGALES

- Cumplimiento de la NOM-059-SEMARNAT-2010 y la LGVS.
- Colecta con permisos de investigación científica.
- Confidencialidad de la información sensible.
- Uso responsable de los datos genéticos.
- No promover ni facilitar actividades ilícitas.

14. FINANCIAMIENTO Y COLABORACIONES

Proyecto en colaboración con el Jardín Botánico de Chicago y el Jardín Botánico del Desierto, Arizona

La Universidad Autónoma de Querétaro (UAQ), México

El Laboratorio Darwin y su Unidad Experimental Simbiosis, "UMA Simbiosis" (www.darwinlab.mx)