

Identificación rápida de microalgas nativas de Yucatán mediante Polimorfismo de un Solo Nucleótido basado en el gen 18S del DNA ribosomal

Vicencio Barragan Oscar Manuel
 Universidad Modelo Campus Mérida. Carretera Mérida-Cholul 200 m después del Periférico. CP 97305.
 Licenciatura en Ingeniería en Energía y Petróleo – Séptimo semestre – Asignatura: Proyectos VII

INTRODUCCIÓN

Las microalgas nativas de Yucatán son fundamentales para los ecosistemas locales y tienen un alto potencial biotecnológico. Sin embargo, su identificación precisa es compleja debido a su diversidad taxonómica (Guiry, 2012). Este proyecto emplea Polimorfismos de un Solo Nucleótido (SNP) en el gen 18S del ADN ribosomal, una herramienta molecular rápida y eficiente (Hillis & Dixon, 1991; Park et al., 2021). Este enfoque busca contribuir al conocimiento de la biodiversidad microalgal, fomentando su conservación y uso en áreas como la acuacultura, los biocombustibles y la biorremediación (Mammadov et al., 2012).

OBJETIVOS

General:

Implementar una metodología molecular basada en SNP del gen 18S DNA para identificar rápidamente microalgas nativas de Yucatán, promoviendo su estudio y aplicación biotecnológica.

Específicos:

1. Recolectar y aislar microalgas de hábitats acuáticos de Yucatán.
2. Realizar un protocolo de extracción de ADN genómico.
3. La amplificación por PCR para identificación específica.

RESULTADOS

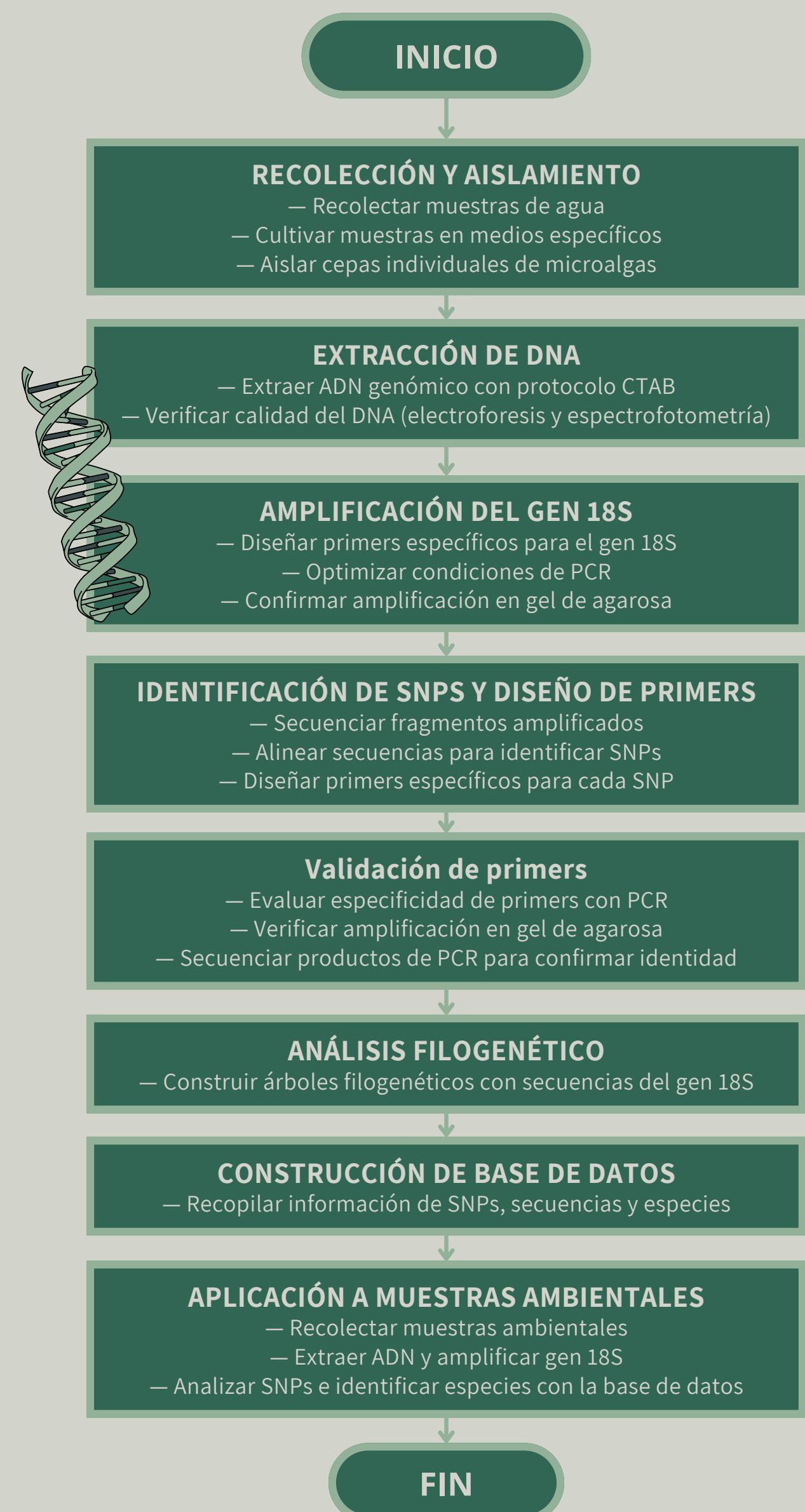
- Vinculación con el Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY).
- Se recibió una capacitación y se armó el siguiente cronograma de actividades:

TAREA	ENE	FEB	MAR	ABR	MAY	JUN
Recolección y aislamiento de microalgas	✓					
Extracción de ADN		✓				
Amplificación del gen 18S			✓			
Identificación de SNPs y diseño de primers				✓		
Validación de primers					✓	
Análisis filogenético						✓
Construcción de base de datos					✓	✓
Aplicación a muestras ambientales						✓

REFERENCIAS

1. Park, S.-H., Steichen, S. A., & Brown, J. K. (2021). Single nucleotide polymorphism-mismatch primer development for rapid molecular identification of selected microalgal species. *Journal of Applied Phycology*, 33(3), 1685–1694. <https://doi.org/10.1007/s10811-021-02409-z>
2. Hillis, D. M., & Dixon, M. T. (1991). Ribosomal DNA: Molecular evolution and phylogenetic inference. *Quarterly Review of Biology*, 66(4), 411–453.
3. Mammadov, J., Aggarwal, R., Buuyarapu, R., & Kumpatla, S. (2012). SNP markers and their impact on plant breeding. *International Journal of Plant Genomics*, 2012, 11. <https://doi.org/10.1155/2012/728398>
4. Guiry, M. D. (2012). How many species of algae are there? *Journal of Phycology*, 48(5), 1057–1063. <https://doi.org/10.1111/j.1529-8817.2012.01197.x>

METODOLOGÍA



CONCLUSIONES

Este proyecto, en colaboración con el CICY, busca desarrollar una herramienta molecular innovadora basada en el análisis de SNPs del gen 18S del ADN ribosomal para identificar microalgas nativas de Yucatán. Esto permitirá obtener información clave sobre su biodiversidad, con aplicaciones en biotecnología y conservación, contribuyendo al conocimiento científico y al desarrollo sostenible de la región.