

# Marcadores moleculares para identificar especies del complejo orégano en muestras comerciales

Hernández Ochoa Ana Gabriela<sup>1</sup>, Cristians Niizawa Sol<sup>1</sup>, Martínez Gordillo Martha<sup>2</sup> y Martínez Ballesté Andrea<sup>3</sup>

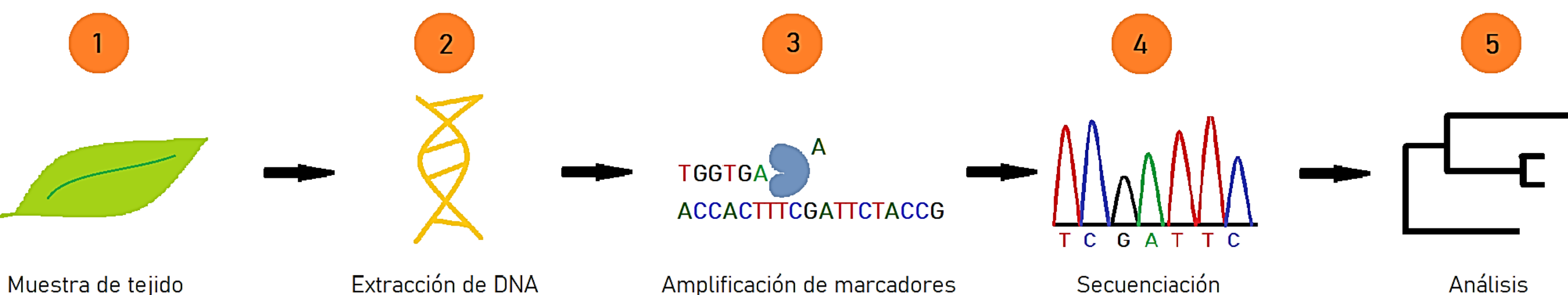
1. Laboratorio de Etnobotánica Integrativa, Jardín Botánico, UNAM. 2. Herbario de la Facultad de Ciencias, UNAM. 3. Instituto de Biología, UNAM

## Una muestra comercial de orégano seco puede ser identificada a distintos niveles taxonómicos empleando los marcadores moleculares *matK* y *trnH-psbA* a través del enfoque de *DNA barcoding*. Aplicación: control de calidad

**INTRODUCCIÓN:** El complejo orégano está integrado por diversas especies que comparten propiedades organolépticas y medicinales. Los marbetes de productos a base de orégano seco generalmente no declaran la especie de procedencia. Establecer la identidad del material vegetal contenido en estos productos es un aspecto de su control de calidad y puede ser la base para detectar sustitución o adulteración en los mismos. Los marcadores moleculares, a través del enfoque de *DNA barcoding*, son una herramienta que permite realizar identificaciones a diferentes niveles taxonómicos empleando pequeñas cantidades de tejido.

**OBJETIVOS:** Analizar los marcadores *ITS2*, *rpl32-trnL*, *rbcl*, *matK* y *trnH-psbA* en las especies *Origanum vulgare*, *Origanum majorana*, *Poliomntha longiflora*, *Monarda citriodora* y *Lippia graveolens* que forman parte del complejo orégano en México e identificar el material vegetal contenido en productos de orégano seco mediante el enfoque de *DNA barcoding*.

### MÉTODOS:



### RESULTADOS:

Marcador molecular	Valores de divergencia intraespecífica previa (P)	Grupos generados	Muestras dentro de cada grupo
<i>rbcl</i>	-	-	-
<i>rpl32-trnL</i>	0.0010	1	<i>O. vulgare</i> H (30)
		2	<i>O. vulgare</i> H (31)
<i>ITS2</i>	0.0010 a 0.012915	3	<i>O. vulgare</i> F (50), F (49), F (48), F (8), H (32) <i>O. majorana</i> F (58), F (57), F (56), F (55), F (54), H (36)
		4	<i>O. majorana</i> H (38)
<i>trnH-psbA</i>	0.0010 a 0.001668	1	<i>O. majorana</i> F (58), F (57), F (56), F (55), F (54), F (53)
		2	<i>O. vulgare</i> F (8), H (32), H (31), H (30)
		3	<i>O. vulgare</i> F (50), F (49), F (48)
		4	<i>O. majorana</i> H (38), H (36)
		5	<i>O. vulgare</i> F (56), F (55), F (54), H (36)
<i>matK</i>	0.0010 a 0.001668	1	<i>O. vulgare</i> H (30)
		2	<i>O. majorana</i> F (56), F (55), F (54), H (36) <i>O. vulgare</i> H (30)
		3	<i>O. vulgare</i> F (50), F (49), F (48), F (8), H (32) <i>O. vulgare</i> H (31)
Concatenado <i>matK+trnH-psbA</i>	0.0010 a 0.001668	1	<i>O. vulgare</i> H (30)
		2	<i>O. majorana</i> F (56), F (55), F (54), H (36) <i>O. vulgare</i> H (30)
Concatenado <i>matK+trnH-psbA</i>	0.002783 a 0.012915	1	<i>O. majorana</i> F (56), F (55), F (54), H (36)
		2	<i>O. vulgare</i> F (50), F (49), F (48), F (8), H (32) <i>O. vulgare</i> H (31)
Concatenado <i>matK+trnH-psbA</i>	0.0010 a 0.001668	1	<i>O. majorana</i> F (58), F (57), F (56), F (55), F (54), F (53)
		2	<i>O. vulgare</i> F (50), F (49), F (48), F (8)
Concatenado <i>matK+trnH-psbA</i>	0.002783	1	<i>O. majorana</i> F (56), F (55), F (54)
		2	<i>O. vulgare</i> F (50), F (49), F (48), F (8), H (32)

Cuadro 1. Resultados del análisis *Automatic Barcode Gap Discovery* (ABGD) (Puillandre *et al.*, 2011) para los marcadores individuales *ITS2*, *matK*, *rbcl*, *rpl32-trnL* y *trnH-psbA* y un marcador concatenado *matK+trnH-psbA* en las secuencias de *O. vulgare* y *O. majorana*. H= muestras de herbario, F= muestras de plantas frescas. Los números entre paréntesis representan el número de la muestra. No se obtuvieron resultados con el marcador *rbcl*. Se resalta en fondo azul la separación de las muestras de *O. vulgare* y *O. majorana* con el concatenado *matK+trnH-psbA* (P= 0.002783).

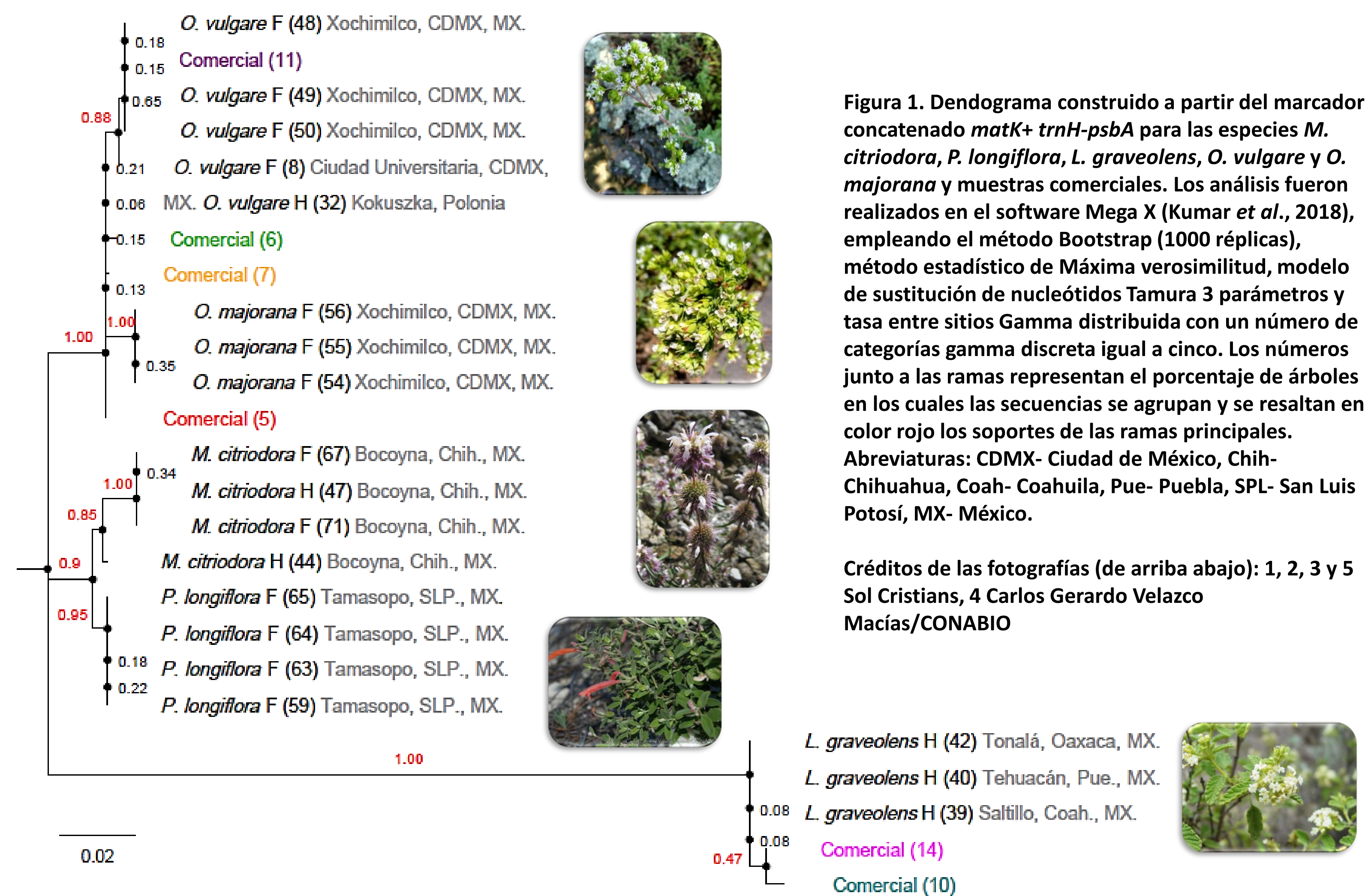


Figura 1. Dendrograma construido a partir del marcador concatenado *matK+trnH-psbA* para las especies *M. citriodora*, *P. longiflora*, *L. graveolens*, *O. vulgare* y *O. majorana* y muestras comerciales. Los análisis fueron realizados en el software Mega X (Kumar *et al.*, 2018), empleando el método Bootstrap (1000 réplicas), método estadístico de Máxima verosimilitud, modelo de sustitución de nucleótidos Tamura 3 parámetros y tasa entre sitios Gamma distribuida con un número de categorías gamma discreta igual a cinco. Los números junto a las ramas representan el porcentaje de árboles en los cuales las secuencias se agrupan y se resaltan en color rojo los soportes de las ramas principales. Abreviaturas: CDMX- Ciudad de México, Chih- Chihuahua, Coah- Coahuila, Pue- Puebla, SPL- San Luis Potosí, MX- México.

Créditos de las fotografías (de arriba abajo): 1, 2, 3 y 5 Sol Cristians, 4 Carlos Gerardo Velazco Macías/CONABIO

### DISCUSIÓN:

- Estudios previos abordan la identificación de material vegetal en productos a base de plantas mediante el *DNA barcoding*.
- Estos resultados concuerdan con reportes previos de *matK* y *trnH-psbA* para identificar especies de la familia Lamiaceae (Theodoridis *et al.*, 2012).
- Estos resultados contrastan con trabajos previos del género *Origanum* (De Mattia *et al.*, 2011).
- Los marcadores moleculares representan un método complementario a otros utilizados para la identificación de material vegetal desconocido.

### REFERENCIAS:

- Linares, E. y Bye, R. 1987. A study of four medicinal plants complexes of Mexico and adjacent United States. *Journal of Ethnopharmacology*. 19, 153-83.
- De Mattia F., Bruni I., Galimberti A., Cattaneo F., Casiraghi M., Labra M. 2011. A comparative study of different DNA barcoding markers for the identification of some members of Lamiaceae. *Food Research International* 44, 693-702.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. and Tamura, K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Mol. Biol. Evol.* 35(6):1547-1549
- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S. and Achaz, G. 2011. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology*. 21(8), 1864-1877.
- Theodoridis, S., Stefanaki, A., Tezcan, M., Aki, C., Kokkini, S. and Vlachonasiou, K. 2012. DNA barcoding in native plants of the Labiatae (Lamiaceae) family from Chios Island (Greece) and the adjacent Cesme-Karaburun Peninsula (Turkey). *Molecular Ecology Resources*. 12, 620-633.