

Modelo ecológico-evolutivo para el manejo integral del gusano barrenador *Hypsipyla grandella* (Zeller) en poblaciones forestales de Meliáceas.

Carrizosa-Valdez Abraham¹ y Ana Wegier¹

¹Laboratorio de Genética de la Conservación, Jardín Botánico, Instituto de Biología, UNAM.



Daño al brote por *Hypsipyla grandella* (Zeller). Universidad de Florida.



Taladrador de las meliáceas, *Hypsipyla grandella* (Zeller), larva. Universidad de Florida.

Introducción

El ataque del gusano barrenador *Hypsipyla grandella* es el principal factor que condiciona el cultivo y desarrollo de algunas especies de Meliáceas como la caoba (*Swietenia macrophylla* King) y el cedro rojo (*Cedrela odorata* L.). El daño se produce cuando las larvas penetran dentro de los ápices terminales rompiendo la dominancia apical, produciendo la bifurcación de los tallos, ramificaciones laterales y –por ende- generando árboles de menor tamaño y calidad. Se ha reportado un porcentaje alto de presencia del gusano barrenador en México, llegando a tener poblaciones con una infestación hasta del 100%.



Cultivo de cedro donde se observa la infestación de *Hypsipyla grandella* en, Oaxaca.

Objetivos

- Desarrollar el modelo ecológico-evolutivo para el manejo integral de *H. grandella* en cultivos de Meliáceas en México.
- Elaborar el modelo de nicho ecológico potencial para *Hypsipyla grandella*.

Métodos

- + Colecta de ejemplares en el sureste de México.
- + Extracción y cuantificación de la cantidad y calidad del DNA de las larvas.
- + Amplificación del DNA por PCR y secuenciación.
- + Análisis de las secuencias genéticas.
- + Recopilación de información ecológica en literatura.

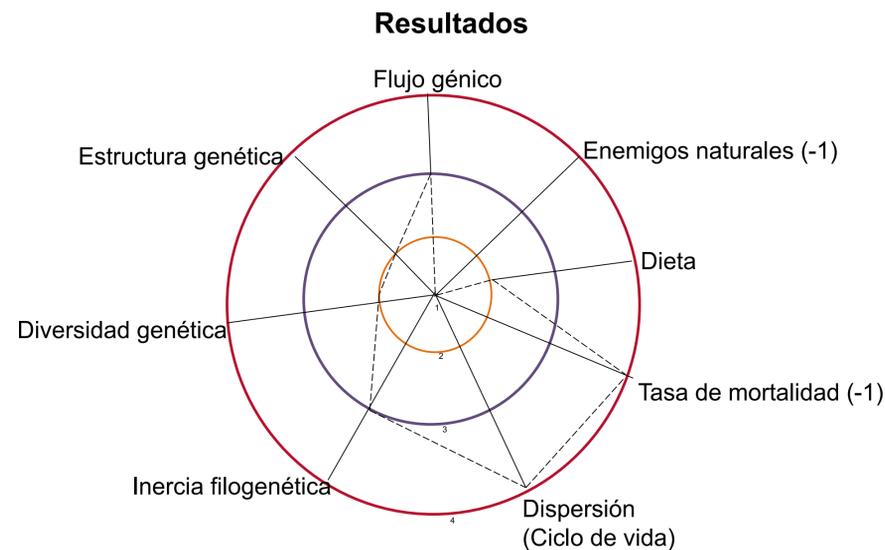
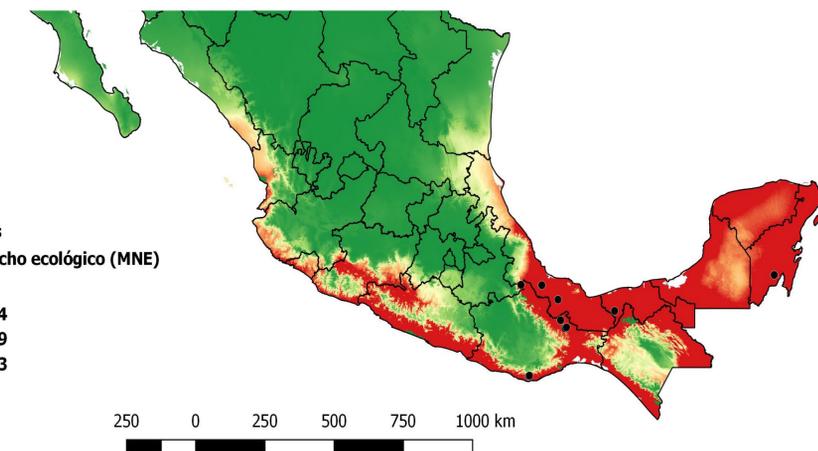


Figura 1. Modelo de evaluación ecológico evolutivo de la especie plaga *Hypsipyla grandella* (Zeller).



Mapa 1. Modelo de Nicho Ecológico para *Hypsipyla grandella* en México y los registros de colecta.

| POBLACIÓN | N (ind) | Diversidad molecular | | | | Test de neutralidad | | |
|------------------|---------|----------------------|-------|--------|-------|---------------------|-------------|--|
| | | H | Hd | π | K | S | D de Tajima | |
| PALMAR | 20 | 2 | 0.526 | 0.0009 | 0.526 | 1 | 1.5650 | |
| ISLA | 23 | 4 | 0.447 | 0.0008 | 0.490 | 3 | -1.012 | |
| HUIMANGUILLO | 23 | 3 | 0.245 | 0.0004 | 0.253 | 2 | -1.189 | |
| ARROYO LIRIO | 23 | 3 | 0.170 | 0.0003 | 0.174 | 2 | -1.514 | |
| SAN JUAN DEL RÍO | 22 | 2 | 0.173 | 0.0003 | 0.173 | 1 | -0.6411 | |
| SANTIAGO YAVEO | 24 | 5 | 0.486 | 0.0009 | 0.540 | 4 | -1.356 | |
| CHACALAPA | 19 | 2 | 0.199 | 0.0003 | 0.199 | 1 | -0.562 | |
| BACALAR | 9 | 1 | ---- | ---- | ---- | ---- | ---- | |

Tabla 1. Análisis de diversidad genética de las poblaciones colectadas pertenecientes a la especie *Hypsipyla grandella* (Zeller).

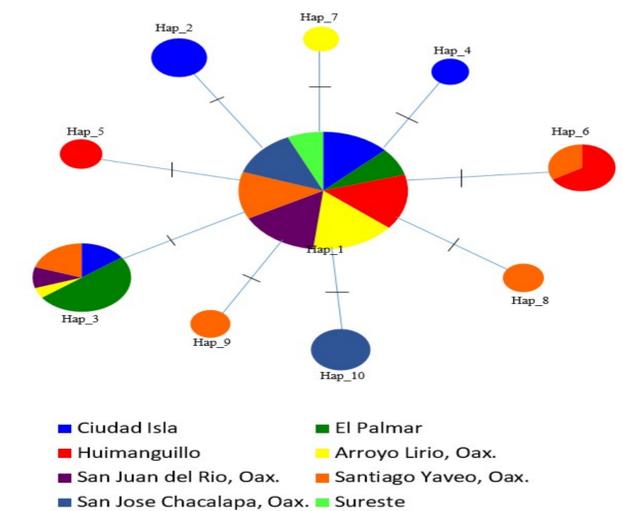


Figura 1. Red de haplotipos de *H. grandella*. Cada círculo representa un haplotipo, el tamaño del círculo es proporcional a la frecuencia del haplotipo. Cada color representa una población.

Conclusiones

- Valores de flujo génico alto (Nm : 2.76) y coeficientes de diversidad genética bajos (0.1495).
- Realizando un AMOVA, se obtiene un valor de F_{ST} de 0.129 para la estructura genética.
- El umbral ecológico sobrepasa las barreras para un manejo fácil de la plaga.
- La dinámica poblacional de la especie depende en gran parte del ciclo de vida, la tasa de mortalidad y la dispersión de la misma.