

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.

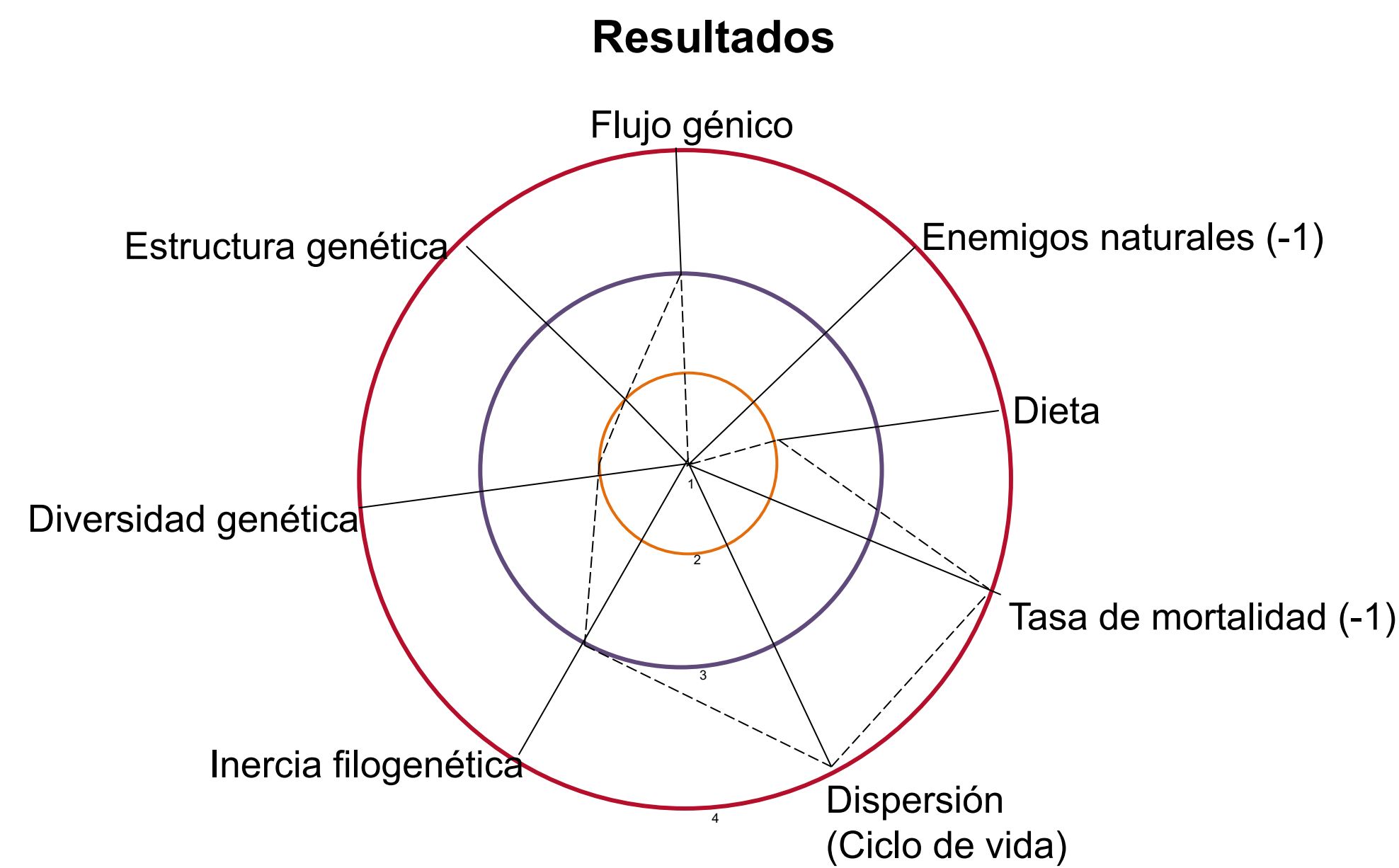
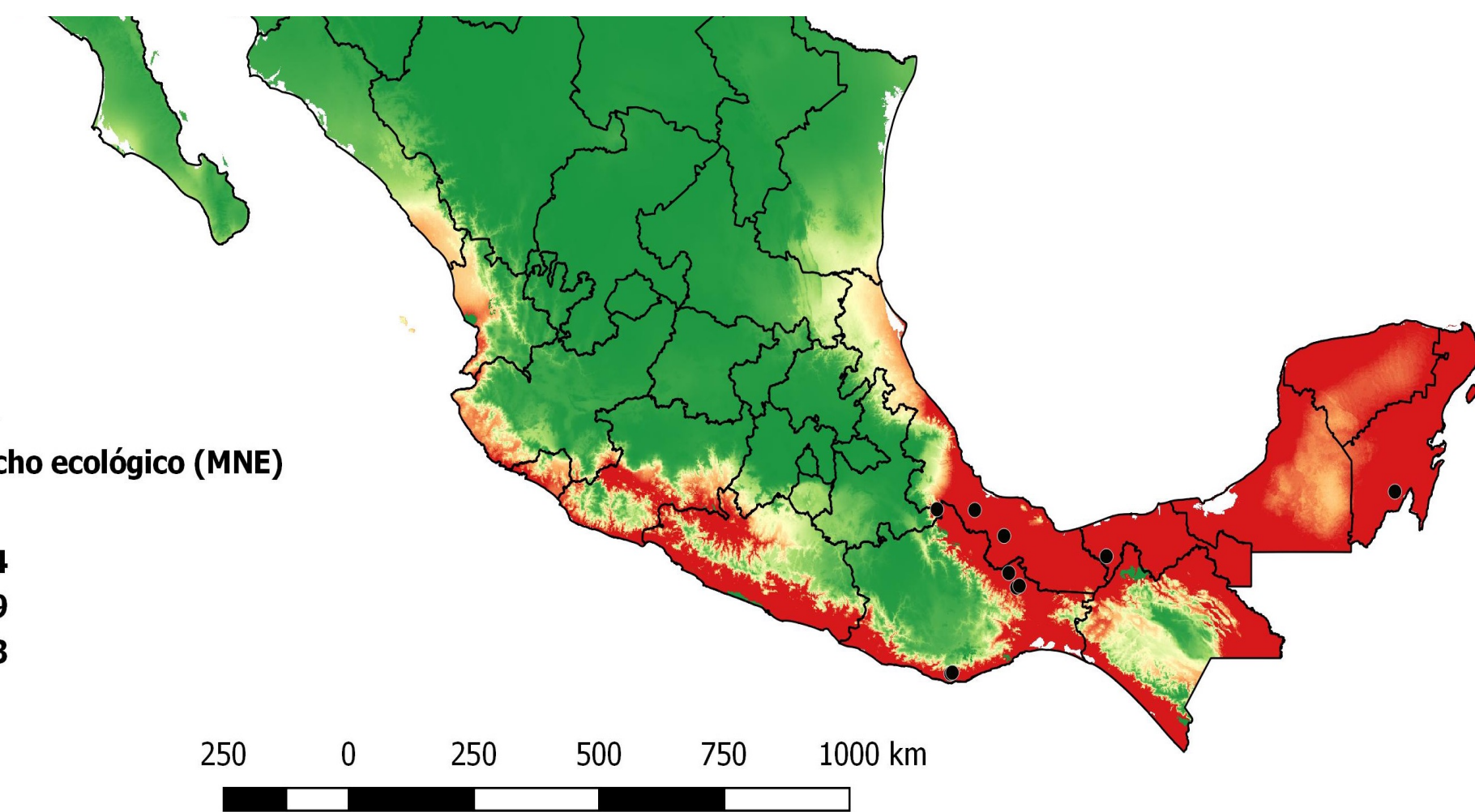


Figura 1. Modelo de evaluación ecológico evolutivo de la especie plaga *Hypsipyla grandella* (Zeller).



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).

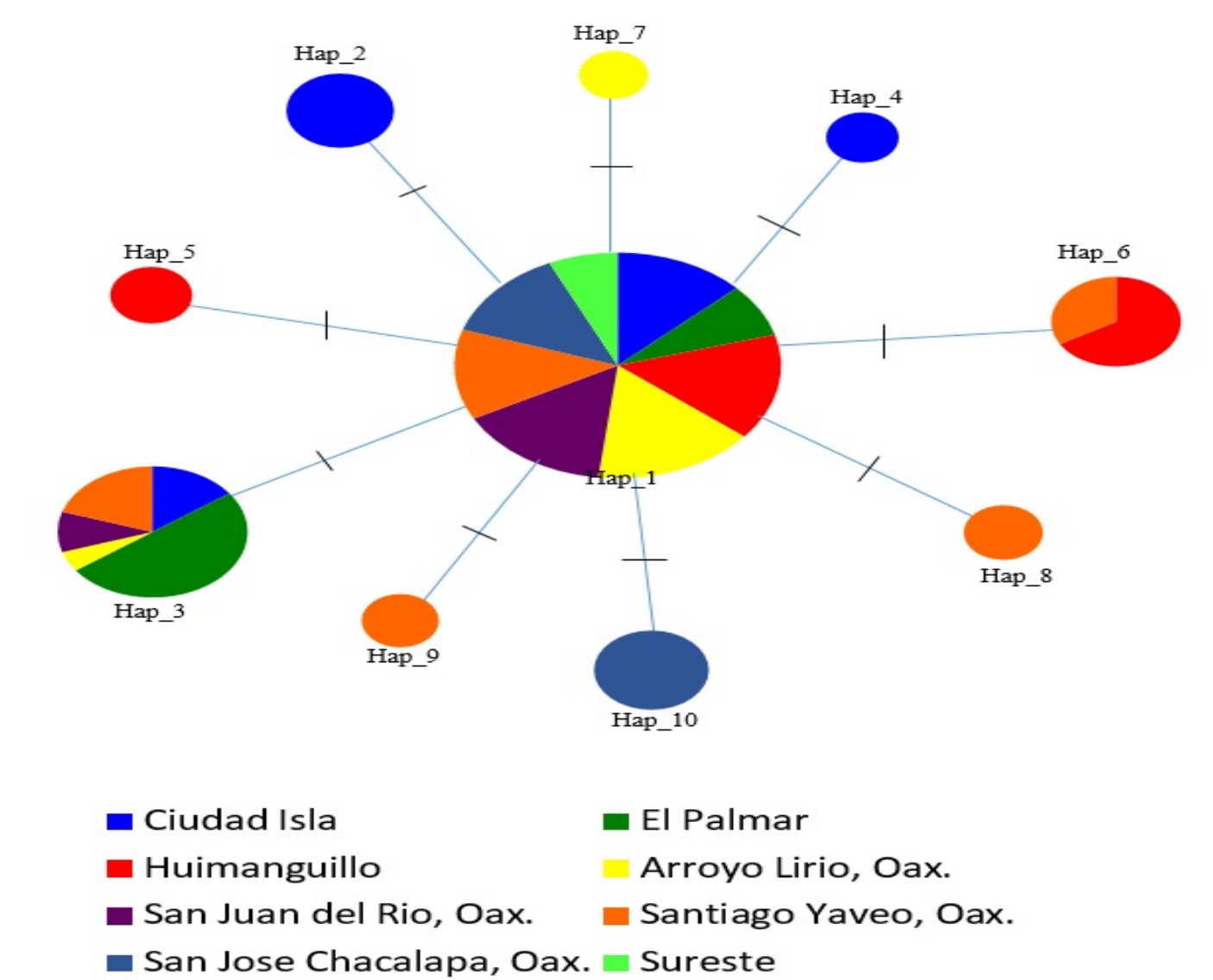


Figura 1. Red de haplotipos de *H. grandella*. Cada círculo representa un haplotipo, el tamaño del círculo es proporcional a la frecuencia del haplotipo. Cada color representa una población.

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.