



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO**

**Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas**

**“Generación de métodos moleculares relevantes en la identificación de plantas de importancia melífera del noroeste de Yucatán, México”**

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:  
**Maestro en Ciencias**

PRESENTA:  
**QBP. Catalina Villagómez Garfias**

TUTOR PRINCIPAL  
**Dra. María Amanda Gálvez Mariscal**  
Facultad de Química

MIEMBROS DEL COMITÉ TUTOR  
**Dra. Amelia Farrés González Sarabia**  
Facultad de Química  
**Dr. Robert Bye Boettler**  
Instituto de Biología

Ciudad Universitaria, CDMX, octubre, 2024



Universidad Nacional  
Autónoma de México



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



## **PROTESTA UNIVERSITARIA DE INTEGRIDAD Y HONESTIDAD ACADÉMICA Y PROFESIONAL**

**(Graduación con trabajo escrito)**

De conformidad con lo dispuesto en los artículos 87, fracción V, del Estatuto General, 68, primer párrafo, del Reglamento General de Estudios Universitarios y 26, fracción I, y 35 del Reglamento General de Exámenes, me comprometo en todo tiempo a honrar a la Institución y a cumplir con los principios establecidos en el Código de Ética de la Universidad Nacional Autónoma de México, especialmente con los de integridad y honestidad académica.

De acuerdo con lo anterior, manifiesto que el trabajo escrito titulado:

**“Generación de métodos moleculares relevantes en la identificación de plantas de importancia melífera del noroeste de Yucatán, México”**

que presenté para obtener el grado de ----Maestría - es original, de mi autoría y lo realicé con el rigor metodológico exigido por mi programa de posgrado, citando las fuentes de ideas, textos, imágenes, gráficos u otro tipo de obras empleadas para su desarrollo.

En consecuencia, acepto que la falta de cumplimiento de las disposiciones reglamentarias y normativas de la Universidad, en particular las ya referidas en el Código de Ética, llevará a la nulidad de los actos de carácter académico administrativo del proceso de graduación.

**Atentamente**

**Catalina Villagómez Garfias**  
**No. De Cuenta 518020002**

## **DEDICATORIA**

A mi familia...

Quienes me inspiran a seguir soñando  
Quienes me motivan a lograr mis metas  
A quienes les debo el ser quien soy y estar donde estoy

Y en especial a mi abuela,  
Por su apoyo incondicional y por creer en mí siempre.

# AGRADECIMIENTOS

Al programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas de la UNAM.

A CONACyT, por el apoyo económico recibido durante toda la maestría.

Al programa PAEP por el apoyo recibido para la asistencia al XI Congreso Mesoamericano de Abejas Nativas.

A mi comité tutor: Dra. Amanda Gálvez, Dra. Amelia Farrés y Dr. Robert Bye, por compartir su experiencia, por sus consejos y observaciones. Gracias por abrir mi mente y enseñarme a tener una visión crítica y objetiva no sólo en el contexto científico puro sino sobre el impacto de la ciencia en la sociedad a todos los niveles e incluso en el contexto global. Gracias por inspirarme.

Al Dr. Juan Javier Ortiz por su amable colaboración y guía durante la colecta de ejemplares en Yucatán.

Al Dr. David Sebastián Gernandt por la oportunidad de recolectar muestras de ejemplares del Herbario Nacional MEXU.

Al jurado, conformado por Jorge Nieto, Luis David Alcaraz, Francisco Javier Plasencia, Sol Cristians y Ana Laura Wegier, por su disposición y apoyo para revisar y comentar el trabajo.

A la asesora técnica del laboratorio, Cindy Estrada, por tu guía constante, por tu interés sincero en apoyarme con cualquier duda, por mínima que fuese.

A mis compañeras del laboratorio, por todos los momentos compartidos.

A mi familia y amigos, quienes han estado a mi lado en los momentos buenos y en los momentos difíciles de este camino que decidí emprender.

# ÍNDICE GENERAL

DEDICATORIA.....	ii
AGRADECIMIENTOS.....	iii
ÍNDICE GENERAL.....	iv
ÍNDICE DE TABLAS.....	vi
ÍNDICE DE FIGURAS.....	vii
RESUMEN.....	ix
ABSTRACT.....	x
<b>1. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>1</b>
1.1 Yucatán.....	1
1.2 Abejas y biodiversidad.....	2
1.3 Apicultura y meliponicultura en México.....	3
1.4 Miel.....	6
1.5 Plantas melíferas de importancia para <i>Melipona beecheii</i> .....	10
1.6 Una alternativa novedosa: códigos de barras moleculares.....	12
1.7 Códigos de barras moleculares y mieles.....	16
1.8 Proyecto <i>BOLD SYSTEMS</i> .....	17
<b>2. JUSTIFICACIÓN.....</b>	<b>18</b>
<b>3. HIPÓTESIS.....</b>	<b>19</b>
<b>4. OBJETIVOS.....</b>	<b>20</b>
4.1 Objetivo general.....	20
4.2 Objetivos particulares.....	20

<b>5. METODOLOGÍA .....</b>	<b>21</b>
5.1 Colecta de material vegetal y conservación de muestras.....	22
5.2 Extracción de DNA .....	24
5.3 Amplificación por PCR de <i>matK</i> , <i>rbcL</i> , <i>ITS2</i> y <i>trnH-psbA</i> .....	25
5.4 Análisis de datos a partir de la secuenciación.....	27
5.5 Generación de los códigos de barras moleculares.....	27
<b>6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....</b>	<b>28</b>
6.1 Calidad del DNA genómico .....	28
6.2 Amplificación y secuenciación de los marcadores moleculares .....	31
6.3 Base de datos de <i>BOLD SYSTEMS</i> .....	35
6.4 Capacidad discriminativa de los marcadores moleculares .....	44
<b>7. CONCLUSIONES.....</b>	<b>54</b>
<b>8. PERSPECTIVAS.....</b>	<b>55</b>
<b>9. ANEXOS.....</b>	<b>57</b>
ANEXO 1. PLANTAS MELÍFERAS.....	57
ANEXO 2. EJEMPLARES DE HERBARIO .....	64
ANEXO 3. CÓDIGOS DE BARRAS MOLECULARES.....	76
ANEXO 4. ANÁLISIS BLAST PRELIMINAR DE LAS SECUENCIAS CONSENSO.....	96
ANEXO 5. IDENTIFICACIÓN BASADA EN LAS SECUENCIAS DE LOS MARCADORES MOLECULARES.....	98
<b>10. REFERENCIAS.....</b>	<b>115</b>

# ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Composición nutricional característica de la miel .....	7
<b>Tabla 2.</b> Regiones apícolas en México .....	8
<b>Tabla 3.</b> Estándares sugeridos para mieles de abejas sin aguijón, comparados con el Codex Alimentarius para mieles de <i>Apis mellifera</i> .....	9
<b>Tabla 4.</b> Principales plantas nectaríferas y poliníferas de la Península de Yucatán .....	11
<b>Tabla 5.</b> Características de los principales marcadores moleculares.....	14
<b>Tabla 6.</b> Clasificación taxonómica de las especies de interés.....	22
<b>Tabla 7.</b> Sitios de muestreo .....	23
<b>Tabla 8.</b> Identificación de los ejemplares colectados.....	24
<b>Tabla 9.</b> Primers empleados para amplificación de genes marcadores <i>matK</i> , <i>rbcL</i> e <i>ITS2</i> .....	25
<b>Tabla 10.</b> Reactivos para las reacciones de PCR.....	26
<b>Tabla 11.</b> Condiciones de ciclado para la amplificación por PCR.....	26
<b>Tabla 12.</b> Calidad del DNA de las muestras .....	29
<b>Tabla 13.</b> Productos de PCR amplificados y secuenciados.....	33

# ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Agrupación jerárquica de las abejas.....	2
<b>Figura 2.</b> Representación de los marcadores plásticos (A) y nucleares (B) usados para la generación de códigos de barras moleculares en plantas.....	13
<b>Figura 3.</b> Diagrama experimental.....	21
<b>Figura 4.</b> Localización de los sitios de muestreo.....	23
<b>Figura 5.</b> Espectros de Absorción de DNA (ejemplo de 4 muestras).....	30
<b>Figura 6.</b> Ejemplos de productos de PCR de los marcadores moleculares A) <i>rbcL</i> , B) <i>matK</i> y C) <i>ITS2</i> .....	32
<b>Figura 7.</b> Información general del proyecto en <i>BOLD SYSTEMS I</i> .....	36
<b>Figura 8.</b> Información general del proyecto <i>BOLD SYSTEMS II</i> .....	37
<b>Figura 9.</b> Distribución de la longitud de las secuencias indexadas en <i>BOLD SYSTEMS</i> .....	38
<b>Figura 10.</b> Listado de los códigos de barras depositados en <i>BOLD SYSTEMS</i> .....	39
<b>Figura 11.</b> Información depositada en <i>BOLD SYSTEMS</i> para <i>Metopium brownei</i> MEXU1474825.....	40
<b>Figura 12.</b> Resumen de la Información de los códigos de barras moleculares para <i>Metopium brownei</i> MEXU1474825.....	41
<b>Figura 13.</b> Código de barras molecular de <i>rbcL</i> para <i>Metopium brownei</i> MEXU1474825. ....	41
<b>Figura 14.</b> Código de barras molecular de <i>matK</i> para <i>Metopium brownei</i> MEXU1474825. ....	42

<b>Figura 15.</b> Código de barras molecular de <i>ITS2</i> para <i>Metopium brownei</i> MEXU1474825. ....	43
<b>Figura 16</b> 13. Información depositada en <i>BOLD SYSTEMS</i> para <i>Lonchocarpus yucatanensis</i> MEXU1156199. ....	44
<b>Figura 17.</b> Resumen de la Información de los códigos de barras moleculares para <i>Lonchocarpus yucatanensis</i> MEXU1156199. ....	45
<b>Figura 18.</b> Código de barras molecular de <i>rbcL</i> para <i>Lonchocarpus yucatanensis</i> MEXU1156199. ....	45
<b>Figura 19.</b> Código de barras molecular de <i>matK</i> para <i>Lonchocarpus yucatanensis</i> MEXU1156199. ....	46
<b>Figura 20.</b> Código de barras molecular de <i>ITS2</i> para <i>Lonchocarpus yucatanensis</i> MEXU1156199. ....	46
<b>Figura 21.</b> Código de barras molecular de <i>trnH-psbA</i> para <i>Lonchocarpus yucatanensis</i> MEXU1156199.....	47
<b>Figura 22.</b> Identificación basada en el marcador <i>matK</i> de las especies pertenecientes a la familia Fabaceae.....	49
<b>Figura 23.</b> Identificación basada en el marcador <i>ITS2</i> de las especies pertenecientes a las familias Anacardiaceae, Euphorbiaceae y Erythroxylaceae.....	51
<b>Figura 24.</b> Capacidad discriminativa de los marcadores moleculares.....	52

## RESUMEN

La generación de códigos de barras es una estrategia con un enfoque molecular que contribuye a la identificación y caracterización de las diversas especies vegetales. La Península de Yucatán es la principal región apícola de México y su biodiversidad abarca cerca de 2,400 especies de plantas. Los códigos de barras moleculares que se generen en esta investigación enriquecerán la base de datos de códigos de barras de la vida (*BOLD SYSTEMS*) y sentarán las bases para futuros estudios y desarrollo de aplicaciones. Por ejemplo: en la diferenciación de mieles de acuerdo con su origen floral o en estudios de diversidad que apoyen la conservación y protección de los ecosistemas. Estas aplicaciones requieren bibliotecas de referencia que aún no existen para muchos taxones y regiones geográficas. Por lo tanto, el objetivo de esta investigación es generar códigos de barras moleculares de la flora melífera de Yucatán.

Se seleccionaron 14 especies de plantas reconocidas por ser fuente de néctar y/o polen para las abejas europeas y meliponinos: *Erythroxylum areolatum*, *Croton reflexifolius*, *Lysiloma latisiliquum*, *Caesalpinia yucatanensis*, *Caesalpinia gaumeri*, *Lonchocarpus longistylus*, *Lonchocarpus yucatanensis*, *Alseis yucatanensis*, *Metopium brownei*, *Thouinia paucidentata*, *Cordia dodecandra*, *Thrinax radiata*, *Coccoloba cozumelensis* y *Pimenta dioica*.

Se generaron los códigos de barras moleculares a partir de especímenes del herbario nacional MEXU y de ejemplares colectados *in situ* que se depositaron en el herbario Alfredo Barrera Marín de la UADY.

La capacidad discriminativa de los marcadores *rbcL*, *matK*, *ITS2* y *trnH-psbA* fue evaluada mediante reconstrucción filogenética. Los códigos de barras mostraron diferentes niveles de resolución. En general, *ITS2* y *matK* mostraron una mejor capacidad discriminativa, resolvieron hasta género e inclusive especie en algunos casos, mientras que *rbcL* y *trnH-psbA* lograron resolver únicamente hasta familia o género.

Se anexaron 58 secuencias a la base de datos especializada *BOLD SYSTEMS* y se propuso qué marcador exhibe mejor capacidad discriminativa para cada especie estudiada ya que no existe un marcador universal para plantas.

## ABSTRACT

Barcoding generation is a strategy with a molecular approach that contributes to the identification and characterization of diverse plant species. The Yucatan Peninsula is the main beekeeping region in Mexico and its biodiversity includes nearly 2,400 plant species. The molecular barcodes generated in this research will enrich the database of barcodes of life (BOLD SYSTEMS) and will lay the bases for future studies and application development. For example: in the differentiation of honey according to their floral origin or in diversity studies that support the conservation and protection of ecosystems. These applications require reference libraries that do not yet exist for many taxa and geographic regions. Therefore, the objective of this research is to generate molecular barcodes of the melliferous flora of Yucatan.

Fourteen plant species known to be a source of nectar and/or pollen for european honeybees and stingless bees were selected: *Erythroxylum areolatum*, *Croton reflexifolius*, *Lysiloma latisiliquum*, *Caesalpinia yucatanensis*, *Caesalpinia gaumeri*, *Lonchocarpus longistylus*, *Lonchocarpus yucatanensis*, *Alseis yucatanensis*, *Metopium brownei*, *Thouinia paucidentata*, *Cordia dodecandra*, *Thrinax radiata*, *Coccoloba cozumelensis* and *Pimenta dioica*.

Molecular barcodes were generated from specimens in the MEXU national herbarium and from specimens collected *in situ* that were deposited in the Alfredo Barrera Marín herbarium at UADY.

The discriminative capacity of the markers *rbcL*, *matK*, *ITS2* and *trnH-psbA* was evaluated by phylogenetic reconstruction. The barcodes showed different levels of resolution. In general, *ITS2* and *matK* showed a better discriminative capacity, resolving up to genus and even species in some cases, while *rbcL* and *trnH-psbA* were only able to resolve up to family or genus.

58 sequences were added to the specialized BOLD SYSTEMS database, and it was proposed which marker exhibits the best discriminative capacity for each species studied since there is no universal marker for plants.

# 1. INTRODUCCIÓN

## 1.1 Yucatán

Yucatán representa el 2% del territorio nacional con una superficie de 3,961,162 ha. En este estado se pueden encontrar diferentes tipos de climas: secos, semiáridos, cálidos, con régimen de lluvias en verano y subhúmedos. En términos geológicos, el subsuelo del estado de Yucatán está constituido por una secuencia de sedimentos calcáreos de origen marino y ha estado bajo subsidencia lenta pero continua (CONABIO, 2021). Las precipitaciones, el gradiente de humedad que se incrementa de norte a sur, el relieve y otras características del terreno favorecen el desarrollo de distintos tipos de vegetación: vegetación de dunas costeras, manglar, selva baja caducifolia, selva mediana subcaducifolia, selva mediana subperennifolia, selva baja inundable, sabanas, petenes, comunidades de hidrófilas y vegetación secundaria (CONABIO, 2021; Durán & Méndez, 2010).

En la península de Yucatán, que contempla los estados de Campeche, Quintana Roo y Yucatán, existen alrededor de 2,400 especies de plantas vasculares, de las cuales 132 son endémicas (5.5% de la flora regional) y en particular, 17 son exclusivas del estado de Yucatán (Durán & Méndez, 2010). Idealmente, la conservación de todas las especies endémicas debería priorizarse. Sin embargo, de las 37 especies legalmente protegidas de la flora peninsular enlistadas en la NOM-059-ECOL-2001, únicamente cuatro son endémicas de la región: *Mammillaria gaumeri*, *Pterocereus gaumeri*, *Beaucarnea plibilis* y *Coccothrinax readii*.

La Biodiversidad de Yucatán, además de emblemática, tiene diversos usos tradicionales: 1) La milpa es uno de los sistemas más compatibles con la supervivencia de la biodiversidad, debido al gran número de especies y variedades locales cultivadas de forma combinada. 2) La producción de miel, cuya calidad es reconocida a nivel mundial. Todas las mieles cosechadas en Yucatán se clasifican como multiflorales, porque provienen de la visita de las abejas a un número considerable de especies de plantas, pero es la predominancia de una de ellas la que le da ciertas características de aroma y color. Además, la apicultura favorece la persistencia de la diversidad de la flora regional. 3) El uso y cultivo de plantas medicinales. Yucatán posee la mayor riqueza de plantas medicinales registradas en el país, con 648 especies comprendidas en 405 géneros y 116 familias. Los usos mayormente documentados incluyen afecciones cutáneas, gastrointestinales, respiratorias y diabetes (Durán & Méndez, 2010).

## 1.2 Abejas y biodiversidad

Las abejas son insectos polinizadores del orden Himenóptera. Existen alrededor de 20 mil especies de abejas a nivel mundial, 95% de las cuales son abejas solitarias y sólo el 5% son sociales. Las distintas especies se agrupan en siete familias. Una de éstas se llama Apidae y contiene a la subfamilia Apinae, en donde se ubican diferentes tribus, como la de las abejas sin aguijón (Meliponini), la de los abejorros (Bombini), la de las abejas melíferas (Apini), la de las abejas de las orquídeas (Euglossini) y otras que son menos conocidas (figura 1) (Arnold *et al.*, 2018; SADER & INEGI, 2021).

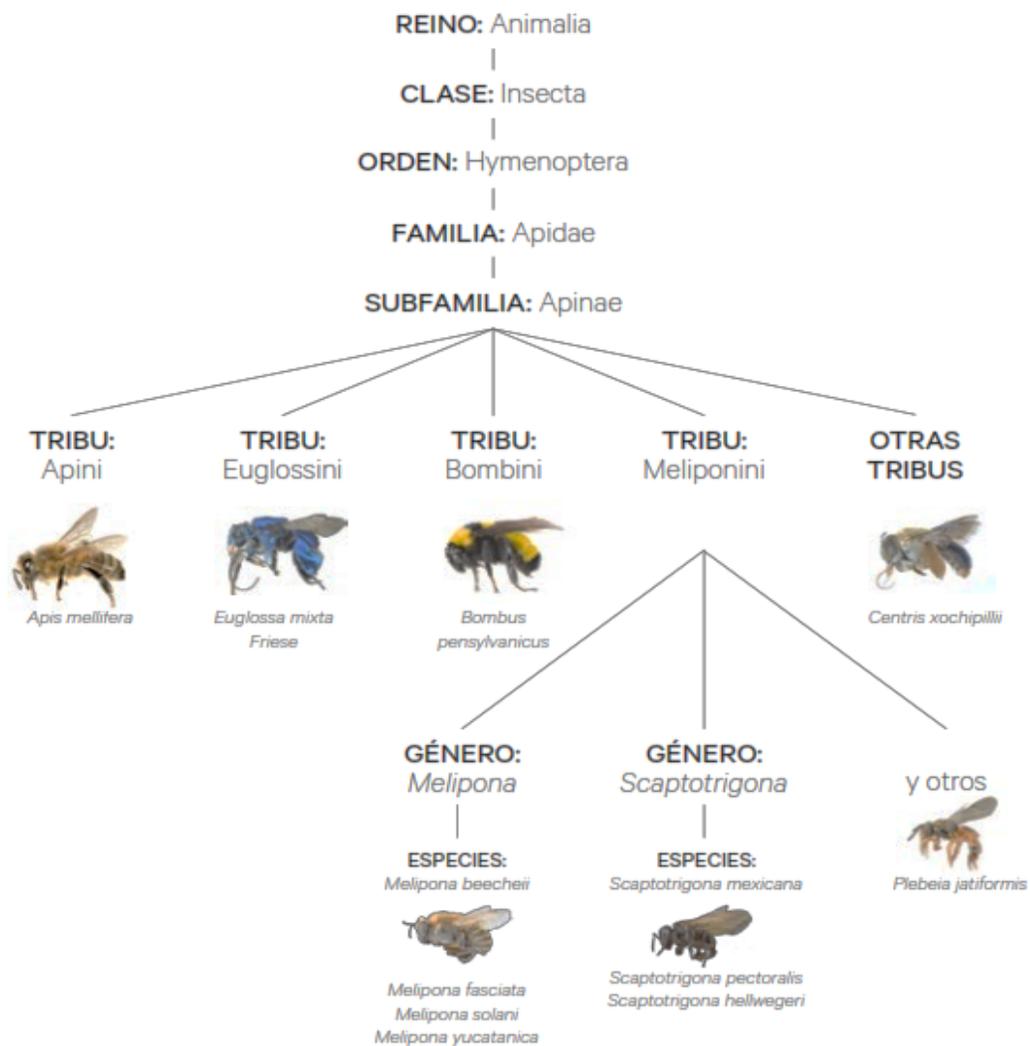


Figura 14. Agrupación jerárquica de las abejas. Tomada de Arnold *et al.*, 2018.

Las abejas se alimentan del polen y néctar de las plantas, siendo el polen una fuente importante de proteínas, aunque también les aporta carbohidratos, enzimas, vitaminas y minerales. El néctar es su principal fuente calórica. Además, necesitan agua para su consumo y para regular la temperatura de las colmenas (Arnold *et al.*, 2018).

Entre las especies melíferas más importantes, además de *Apis mellifera*, se encuentran las abejas meliponas, que son abejas eusociales caracterizadas por poseer un aguijón atrofiado, es decir, no pican. Se encuentran en las regiones tropicales y subtropicales de América, África, Asia y Australia. En el continente americano existe la mayor diversidad de meliponas, con más de 400 especies descritas que se distribuyen desde México hasta Argentina (Arnold *et al.*, 2018; CONABIO, 2011).

En cambio, *Apis mellifera* proviene de Europa y fue introducida a México entre 1760 y 1770. Asimismo, en el año de 1986 se registró oficialmente el ingreso de la abeja africanizada en Chiapas (SADER & INEGI, 2021).

Los productos comerciales que se obtienen del trabajo de las abejas son apreciados, además de su rol principal consistente en el mantenimiento del equilibrio ecológico, ya que son los polinizadores más importantes, seguidos de las mariposas, murciélagos y colibríes (Arnold *et al.*, 2018). Las abejas están estrechamente relacionadas con la seguridad alimentaria de la especie humana, ya que alrededor del 35% de la producción mundial de alimentos depende directamente de la polinización que ellas realizan, tanto en plantas cultivadas como en plantas silvestres necesarias para la existencia otros seres vivos (SADER & INEGI, 2021).

### **1.3 Apicultura y meliponicultura en México**

Históricamente, el cuidado de las abejas ha tenido un papel importante en la tradición y en la economía del país, primero con la meliponicultura o cultivo de abejas nativas sin aguijón, y posteriormente, la apicultura que cobró auge debido al mayor rendimiento en la productividad de *Apis mellifera* (Pat-Fernandez *et al.*, 2018).

En nuestro país, la apicultura tiene un alto valor social y económico, de ella dependen más de 43,000 productores, cuyo esfuerzo permite que nuestro país se ubique como el tercer exportador de miel en el mundo, después de China y Argentina. Según el ranking nacional de producción apícola, las principales entidades federativas productoras y exportadoras de miel durante el periodo de 2003 a 2019 fueron Yucatán, Campeche, Jalisco, Veracruz, Guerrero, Chiapas, Puebla, Quintana Roo, Oaxaca y Michoacán (SADER & INEGI, 2021).

La producción de miel en México en el periodo 2014-2018 registró variaciones, reportándose una producción anual de 57,995 toneladas en promedio. En materia de exportaciones, durante el mismo periodo se enviaron al extranjero alrededor de 34,000 toneladas anuales, principalmente a la Unión Europea, destacándose Alemania, y a Estados Unidos (SADER & INEGI, 2021). En el 2015, las exportaciones de miel alcanzaron un valor de 150 millones de dólares mientras que en 2017 se consiguieron ventas por 105 millones de dólares (Soto-Muciño *et al.*, 2017). Además de la miel, también se comercializan la cera de abeja, polen, propóleos, jalea real y productos derivados, tales como ungüentos para la piel.

A pesar de la buena posición actual de la miel mexicana en el comercio internacional, es indispensable conservar y mejorar la calidad de ésta para satisfacer los estándares que cada día son más estrictos. En este rubro, una oportunidad de mejora radica en la determinación del origen botánico de las mieles, ya que al momento es un parámetro poco definido en los productos comerciales y que, junto con los análisis fisicoquímicos y la evaluación sensorial, son clave para lograr la certificación de las mieles. La denominación de origen es también una oportunidad de mejorar el mercadeo para los productores nacionales si se logra envasar de origen y no exportar en tambos donde se mezclan las diversas calidades (SADER & INEGI, 2021).

Por otro lado, la meliponicultura es una actividad cultural, económica y social que las comunidades mayas desarrollaron antes de la llegada de los colonizadores europeos, según hallazgos arqueológicos mesoamericanos (ECOFRONTERAS, 2021). Los mayas vinculaban la cría de la abeja sin aguijón (*Melipona beecheii*), conocida localmente como *Xunaán Kaab* o *Ko'olel Kaab* que significa "Dama de la miel", a la tradición religiosa del dios abeja *Ah Mucen Kaab*. Las meliponas eran concebidas como seres sagrados a los cuales el meliponicultor ofrecía su servicio, ya que representaban un vínculo entre el pueblo y la divinidad (Arnold *et al.*, 2018; Pat-Fernandez *et al.*, 2018).

Los mayas desarrollaron extensos meliponarios de hasta 500 jobones (colmenas rústicas que consisten en troncos huecos gruesos, con aberturas de los extremos cubiertas con discos de madera sellados con lodo). Hay evidencias que datan del siglo XVI, como el códice Madrid o Trocortesiano, que sugieren que en la antigua civilización maya ya se efectuaba la cosecha y manejo de *Ko'olel Kaab*. Otros documentos, como el *Chilam Balam* de Chumayel y el recetario médico llamado el Ritual de los Bacabes, resaltan el uso de la miel Melipona para tratar enfermedades. Asimismo, la miel y la cera jugaron un papel económico relevante como objetos de tributo y en el contexto ceremonial (Arnold *et al.*, 2018; CONABIO, 2011; SADER & INEGI, 2021).

Actualmente, las meliponas son consideradas como los polinizadores de mayor importancia en los trópicos ya que debido al rango de su tamaño (1.8 a 13.5 mm), son capaces de polinizar una mayor diversidad de flores. Hay que resaltar que en México se reportan 46 especies de abejas sin aguijón agrupadas en 16 géneros, donde los estados con mayor número de especies son: Oaxaca, Chiapas, Veracruz, Quintana Roo, Tabasco y Yucatán (Arnold *et al.*, 2018; ECOFRONTERAS, 2021).

En particular *Xunaan Kaab* es una abeja forrajera que prefiere árboles y arbustos de talle alto, a diferencia de la abeja europea que puede vivir bien en áreas perturbadas con dominancia de herbáceas (Villanueva-Gutiérrez, 2017). Por ello, son susceptibles a las alteraciones del medio ambiente ocasionadas por el hombre: deforestación, incendios y utilización de agroquímicos, así como fenómenos como los huracanes y el cambio climático. Aunado a lo anterior, las fuertes sequías y precipitaciones han ocasionado que exista competencia entre *Apis* y *Melipona* por los recursos nectaríferos y poliníferos (SADER & INEGI, 2021, ECOFRONTERAS, 2021). Por otro lado, la falta de control de los enemigos naturales de las abejas *Xunaan Kaab* ha afectado el número de colonias que poseen los meliponicultores. Entre estos enemigos podemos mencionar a la mosca *nenem* (*Pseudohyocera kertezi*), la hormiga arriera o *xulab* (*Eciton burchelli*), el perro de monte (*Eira barbara*), los sapos *huo much* (*Chaunus marinus* y *Cranopsis valliceps*) y las lagartijas (Villanueva-Gutiérrez, 2017).

## 1.4 Miel

La miel se define, con base en el Codex Alimentarius de la FAO (1981) y la NOM-004-SAG/GAN-2018, como la sustancia dulce natural producida por abejas de la especie *Apis mellifera* a partir del néctar de las plantas o de secreciones de partes vivas de éstas o de excreciones de insectos succionadores de plantas que quedan sobre partes vivas de las mismas y que las abejas recogen, transforman y combinan con sustancias específicas propias, y depositan, deshidratan, almacenan y dejan en el panal para que madure y añeje.

La miel contiene al menos 181 sustancias. Es una solución rica en azúcares que contiene también minerales, proteínas, aminoácidos libres, enzimas, fitoquímicos y vitaminas (Tabla 1) (Arnold *et al.*, 2018; Alvarez-Suarez *et al.*, 2010). No debe considerarse como miel a los jarabes neutros o con diferentes sabores que se expendan bajo diferentes marcas comerciales y que sirven para endulzar bebidas, postres y otros alimentos, ya que en la composición de éstos predomina la fructosa de maíz o la glucosa, aun cuando por su consistencia líquida y viscosa semejen a la miel (SADER & INEGI, 2021).

El color, sabor y la composición específica de la miel depende del origen floral y geográfico del néctar, de las condiciones ambientales, del manejo de los productores al momento de la extracción y de las condiciones de almacenamiento (Arnold *et al.*, 2018; CONABIO, 2011). Las mieles deben cumplir con las especificaciones físicas y químicas que indica la NOM-004-SAG/GAN-2018:

- Contenido de fructosa y glucosa (suma de ambas). Mínimo 60 g/100g
- Contenido de sacarosa % (g/100g). Máximo 5.00 %.
- Contenido de humedad H% (g/100g). Máximo 20.00 %;
- Contenido de humedad para miel de mangle H% (g/100g). Máximo 21.00 %;
- Sólidos insolubles en agua % (g/100g). Máximo 0.1%.
- Conductividad eléctrica (mS/cm). Máximo 0.80 ms/cm.
- Ácidos libres. Máximo 50.00 meq/kg.
- Hidroximetilfurfural (HMF) de miel de origen declarado procedente de regiones de clima tropical. Máximo 80.00 mg/kg.
- Hidroximetilfurfural (HMF) de miel en general. Máximo 40.00 mg/kg.
- Índice diastásico de miel en general. 8 unidades Schade mínimo.
- Índice diastásico de miel con bajo contenido de enzimas naturales y un contenido de HMF no superior a 15mg/Kg. 3 unidades Schade mínimo.

El sabor de las mieles es particularmente dulce al ser soluciones sobresaturadas de azúcares. El tiempo que tardan en cristalizar y mostrar un aspecto granulado depende de la proporción de los principales azúcares (glucosa y fructosa) y del contenido de agua. El color se relaciona con el contenido de minerales, polen, compuestos fenólicos y otros compuestos como los pigmentos de origen vegetal; en función de éstos, la miel puede ser de color blanco transparente hasta ámbar oscuro. Por lo general, un color más claro indica un sabor más suave, mientras que la miel oscura tiene un sabor más robusto y contiene más minerales (CONABIO, 2011).

**Tabla 1. Composición nutricional característica de la miel**

(Tomada de SADER & INEGI, 2021)

<b>NUTRIENTE</b>	<b>CANTIDAD PROMEDIO EN 100 g</b>
<b>Carbohidratos (totales)</b>	82.4 g
<b>Fructosa</b>	38.5 g
<b>Glucosa</b>	31.0 g
<b>Maltosa</b>	7.20 g
<b>Sacarosa</b>	1.50 g
<b>Proteínas</b>	0.50 g
<b>Energía</b>	304 Kcal
<b>Grasas (lípidos)</b>	0.0 g
<b>Colesterol</b>	0.0 g
<b>Vitaminas Tiamina</b>	< 0.00 mg
<b>Riboflavina</b>	< 0.06 mg
<b>Niacina</b>	< 0.36 mg
<b>Ácido pantoténico</b>	< 0.11 mg
<b>Piridoxina (B6)</b>	< 0.32 mg
<b>Ácido ascórbico</b>	2.2 - 2.4 mg
<b>Calcio</b>	4.4 - 9.20 mg
<b>Cobre</b>	0.003 - 0.10 mg
<b>Fierro</b>	0.06 - 1.5 mg
<b>Magnesio</b>	1.2 - 3.50 mg
<b>Manganeso</b>	0.02 - 0.4 mg
<b>Fósforo</b>	1.9 - 6.30 mg
<b>Potasio</b>	13.2 - 16.8 mg
<b>Sodio</b>	0.0 - 7.6 mg
<b>Zinc</b>	0.03 - 0.4 mg

Debido a los diferentes climas y flora que existen en México, se pueden distinguir cinco regiones apícolas que producen mieles con características semejantes (Tabla 2).

**Tabla 2. Regiones apícolas en México**  
(SADER & INEGI, 2021).

Región	Estados que la conforman	Características
<b>Norte</b>	Baja California, Baja California Sur, Sonora, Chihuahua, Durango, Zacatecas, Coahuila, Nuevo León y partes del norte de Tamaulipas y del altiplano de San Luis Potosí.	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mieles de color ámbar extra clara cuya producción se destina a Estados Unidos principalmente.</li> <li>○ Miel característica: miel de mezquite.</li> <li>○ Representa el 7.4% de la producción nacional.</li> </ul>
<b>Golfo</b>	Veracruz y parte de los estados de Tabasco, Tamaulipas y la región Huasteca de San Luis Potosí, Hidalgo y Querétaro.	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mieles de color ámbar claro.</li> <li>○ Miel característica: miel de naranjo.</li> <li>○ Representa el 9% de la producción nacional.</li> </ul>
<b>Costa del Pacífico</b>	Sinaloa, Nayarit, poniente de los estados de Jalisco y Michoacán, Colima, así como las regiones costeras de los estados de Guerrero, Oaxaca y Chiapas.	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mieles oscuras principalmente.</li> <li>○ Miel característica: miel de mangle.</li> <li>○ Representa el 21.4% de la producción nacional.</li> </ul>
<b>Altiplano</b>	Tlaxcala, Puebla, Morelos, Guanajuato, Aguascalientes, Estado de México, la parte oriente de los estados de Jalisco, Michoacán, Guerrero, Oaxaca y Chiapas; parte poniente de Hidalgo y Querétaro; la región media de San Luis Potosí, así como las delegaciones rurales de la Ciudad de México.	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mieles de color ámbar y ámbar clara.</li> <li>○ Miel característica: miel mantequilla. El origen de esta miel es de acahual y aceitilla principalmente. Tiene mucha demanda en el mercado europeo.</li> <li>○ Representa el 29.8% de la producción nacional.</li> </ul>
<b>Península de Yucatán</b>	Campeche, Yucatán y Quintana Roo y parte de los estados de Chiapas (Noreste) y Tabasco (Oriente).	<ul style="list-style-type: none"> <li>○ Mieles características: miel de <i>ts'its'ilche</i> y miel de <i>tahonal</i>.</li> <li>○ Representa el 32.4% de la producción nacional.</li> <li>○ Proporcionan el 85% de la producción de miel destinada a exportación.</li> </ul>

La diferencia entre una miel de *Apis mellifera* y una de meliponinos radica en que ésta última tiene normalmente mayor acidez y cantidad de agua, menos diastasa y un contenido de azúcares diferente (Tabla 3). Todo eso hace que las mieles de las abejas sin aguijón sean más líquidas y tengan un sabor diferente, normalmente más ácido; con aromas frutales y toques arbóreos, en comparación con la miel de abejas melíferas (Arnold *et al.*, 2018). Asimismo, este tipo de mieles poseen una mayor diversidad y contenido de polen. Sin embargo, no existe ninguna norma que regule ese tipo de mieles. En México se encuentran escasos reportes acerca de las propiedades fisicoquímicas y organolépticas de la miel de la abeja *Melipona beecheii*, a pesar de ser México el centro del surgimiento de la meliponicultura en América (Pat-Fernandez *et al.*, 2018).

**Tabla 3. Estándares sugeridos para mieles de abejas sin aguijón, comparados con el Codex Alimentarius para mieles de *Apis mellifera***

(Tomado de Vit *et al.*, 2004)

Composición de miel	Unidades	Estándares			
		de <i>Apis mellifera</i>	<i>Melipona</i>	<i>Scaptotrigona</i>	<i>Trigona</i>
<b>Contenido de agua</b>	g/100 g	Máx. 20.0	Máx. 30.0	Máx. 30.0	Máx 30.0
<b>Azúcares reducidos</b>	g/100 g	Mín. 65.0	Mín. 50.0	Mín. 50.0	Mín. 50.0
<b>Sacarosa</b>	g/100 g	Máx. 5.0	Máx. 6.0	Máx. 2.0	Máx. 6.0
<b>Acidez</b>	g/100 g	Máx. 40.0	Máx. 70.0	Máx. 85.0	Máx. 75.0
<b>Cenizas</b>	G/100 g	Máx. 0.5	Máx. 0.5	Máx. 0.5	Máx. 0.5
<b>HMF</b>	mg/Kg	Máx. 40.0	Máx. 40.0	Máx. 40.0	Máx. 40.0
<b>Actividad de la Diastasa</b>	DN	Mín 8.0	Mín 3.0	Mín 3.0	Mín 7.0

Nota: *Melipona*, *Scaptotrigona* y *Trigona* son los géneros principales de meliponinos que se pueden encontrar en Yucatán

La miel *Melipona* se ha usado desde la antigüedad con variados fines, por ejemplo, como endulzante de bebidas y alimentos, como agente en la fermentación de diferentes productos, como es el caso del *balché* y bebidas de cacao y maíz, y como parte de recetas médicas para aliviar enfermedades (Arnold *et al.*, 2018).

La miel exhibe efectos inhibitorios sobre bacterias y levaduras. También ha sido reportada en varios artículos científicos por propiedades antioxidantes, antimicrobianas y antiinflamatorias, comprobando su efectividad en el tratamiento de quemaduras e infecciones internas y externas. Asimismo, en el tratamiento de padecimientos oculares como carnosidades, cataratas y conjuntivitis, para úlceras, llagas y heridas de difícil cicatrización, para manchas en la piel y para dientes infectados y encías inflamadas. Se reporta también su uso para infecciones estomacales, problemas respiratorios, fracturas y golpes (Vit *et al.*, 2004; Dardón & Enriquez, 2008; Arnold *et al.*, 2018).

Para la especie *Melipona beecheii*, se reporta en México un rendimiento anual entre 2 y 2.5 kg/jobón de miel, mientras que para *Apis mellifera* se obtiene un rendimiento anual de entre 25 y 30 kg/colmena. Sin embargo, hoy en día la elevada demanda de miel y otros subproductos (cera, polen y propóleos) de la abeja *Melipona* en el mercado regional ha incrementado significativamente su precio. Por tal razón, está resurgiendo el interés de los productores en preservar la meliponicultura (Pat-Fernandez *et al.*, 2018). En 2021, el precio de la miel *Melipona* en el mercado se encontró entre \$1000 MXN y \$1500 MXN por kilogramo. Sin embargo, existen productos de 5mL que se llegan a comercializar por \$250 MXN. Los precios no se comparan con los estimados para la miel de *Apis* en el mismo periodo, cuyo valor en el mercado fue de entre los \$89 MXN y \$107 MXN por kilogramo (CIATEJ, 2022).

### **1.5 Plantas melíferas de importancia para *Melipona beecheii***

Las plantas, de acuerdo con su actividad apícola, se clasifican en nectaríferas, que proveen el néctar que recolectan las abejas y, poliníferas, aquellas con poco néctar, pero mucho polen. La diversidad de plantas que pecorean las meliponas es amplia; la tabla 4 muestra algunas de las especies de la península de Yucatán y se hace referencia a los recursos, néctar y/o polen, que proveen.

**Tabla 4. Principales plantas nectaríferas y poliníferas de la Península de Yucatán**  
(Modificado de Durán & Méndez 2010; Villanueva-Gutiérrez, 2017)

Nombre común	Nombre científico	Néctar	Polen	Forma de vida
<i>Ts'its'ilche</i>	<i>Gymnopodium floribundum</i>	+		Arbusto o árbol
<i>Tahonal</i>	<i>Viguiera dentata</i>	+		Hierba
Flor de San Diego	<i>Antigonon leptopus</i>	+		Arbusto
Algarrobo	<i>Samanea saman</i>	+	+	Árbol
Almendra	<i>Terminalia catappa</i>			Árbol
<i>Box katsim</i>	<i>Acacia gaumeri</i>	+	+	Arbusto
<i>Chakáah</i>	<i>Bursera simaruba</i>	+	+	Árbol
<i>Chechem</i>	<i>Metopium brownei</i>	+	+	Árbol
Ciricote	<i>Cordia dodecandra</i>		+	Árbol
Cocoyol	<i>Acrocomia mexicana</i>		+	Árbol
<i>Ek'balam</i>	<i>Croton flavens</i>	+		Arbusto
Flamboyán	<i>Delonix regia</i>	+		Árbol
Flor de mayo	<i>Plumeria rubra</i>	+	+	Árbol
Huaya	<i>Talisia olivaeformis</i>	+		Árbol
<i>Ja'abin</i>	<i>Piscidia piscipula</i>	+		Árbol
<i>X'k'anlool</i>	<i>Senna racemosa</i>	+	+	Árbol
<i>Kitimche</i>	<i>Caesalpinia gaumeri</i>		+	Árbol
Limonaria	<i>Murraya paniculata</i>	+		Arbusto o árbol
Lipia	<i>Lippia virgata</i>	+		Arbusto
Lluvia de oro	<i>Cassia fistula</i>	+	+	Árbol
<i>Jmuk</i>	<i>Dalbergia glabra</i>	+		Arbusto
Nance	<i>Byrsonima crassifolia</i>	+	+	Arbusto o árbol
Paraíso	<i>Moringa oleifera</i>	+		Arbusto
<i>Piich</i>	<i>Enterolobium cyclocarpum</i>		+	Árbol
<i>Pixoy</i>	<i>Guazuma ulmifolia</i>	+		Árbol
<i>Pukté</i>	<i>Bucida buceras</i>	+		Árbol
<i>Sak katsim</i>	<i>Mimosa bahamensis</i>		+	Arbusto
<i>Sak piich</i>	<i>Acacia glomerosa</i>	+	+	Árbol
Tamarindo	<i>Tamarindus indica</i>	+	+	Árbol
<i>Ts'u-ts'uk</i>	<i>Diphysa carthagenensis</i>	+		Árbol
<i>Tsalam</i>	<i>Lysiloma latisiliquum</i>	+		Árbol
<i>Ya'axnik</i>	<i>Vitex gaumeri</i>	+		Árbol
Zapote	<i>Manilkara zapota</i>	+	+	Árbol
<i>Balché</i>	<i>Lonchocarpus longistylus</i>	+	+	Árbol
<i>Nucuch pool</i>	<i>Pimenta dioica</i>	+	+	Árbol
<i>Chit</i>	<i>Thrinax radiata</i>		+	Árbol
<i>Boob chich</i>	<i>Cocoloba cozumelensis</i>	+		Árbol
<i>Kantemo</i>	<i>Acacia angustissima</i>		+	Árbol o arbusto
<i>Ja'as che</i>	<i>Alseis yucatanensis</i>	+		Árbol
<i>K'anchunuup</i>	<i>Thouinia canescens</i>	+		Árbol
<i>Chen ak</i>	<i>Serjania yucatanensis</i>	+		Árbol o arbusto
<i>Xtabentún</i>	<i>Turbina corymbosa</i>	+		Hierba
Botoncillo	<i>Conocarpus erectus</i>	+		Árbol
<i>Silclimuch</i>	<i>Solanum lancifolium</i>		+	Hierba
<i>Sak ya'ab</i>	<i>Gliricidia sepium</i>	+	+	Árbol

La caracterización botánica de las mieles les confiere un valor agregado, lo que les permite garantizar su calidad. Se han distinguido 13 mieles monoflorales en la Península de Yucatán, teniendo en consideración que una miel se clasifica como monofloral cuando presenta el 45% de dominancia en algún tipo de polen. Dentro de las más importantes se destacan las de: *Viguiera dentata* (tahonal), *Bursera simaruba* (chakáah), *Piscidia piscipula* (ha'bin) y *Gymnopodium floribundum* (ts'its'ilche) (CONABIO, 2011).

El método tradicional para la identificación del polen en miel es mediante el análisis melisopalinológico, a través de las características morfológicas particulares de cada polen reveladas con microscopía óptica. Este análisis ofrece la ventaja de proporcionar una cuantificación directa del número de granos de polen (Hawkins *et al.*, 2015) y provee información acerca del origen botánico y geográfico de las mieles, además de ser una herramienta que permite detectar contaminación por hollín, polvo, levaduras y otras partículas generalmente no presentes en la miel (NOM-004-SAG/GAN-2018).

Una opción para complementar los estudios de identificación de las especies vegetales presentes en la miel, son los métodos basados en el DNA, los cuales tienen el potencial de reducir el tiempo de procesamiento y aumentar el nivel de discriminación de las especies. Además, no requieren el alto nivel de experiencia taxonómica que demanda el análisis microscópico debido a que los granos de polen de algunas plantas pueden ser particularmente difíciles de distinguir (Galimberti *et al.*, 2014; Hawkins *et al.*, 2015).

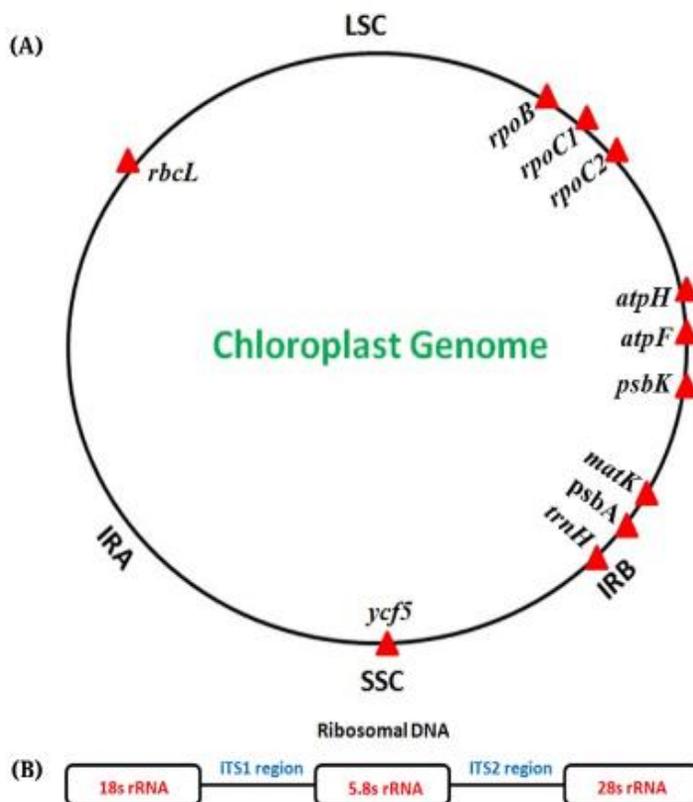
## **1.6 Una alternativa novedosa: códigos de barras moleculares**

Los códigos de barras moleculares son secuencias ortólogas cortas de regiones del genoma que pueden ser usados como etiquetas para lograr la identificación de especies biológicas (Cristians-Niizawa, 2020). En plantas, son una estrategia molecular de importancia dada la dificultad en la identificación taxonómica de algunas especies debido a sus similitudes morfológicas.

Inicialmente, Koecher y colaboradores (1989) describieron tres pares de primers capaces de amplificar secuencias homólogas de segmentos del genoma mitocondrial: citocromo b, rRNA 12S y una región no codificante (D-loop). Evidenciaron la amplia utilidad taxonómica de los primers al amplificar por PCR dichas regiones conservadas en más de 100 animales entre mamíferos, aves, peces, anfibios, reptiles e insectos.

En el 2003, el Dr. Paul Hebert y su equipo de la Universidad de Guelph, Canadá, sugirieron el uso de un fragmento de ~600 pb del gen mitocondrial citocromo oxidasa I (COI) como base para un nuevo sistema de identificación y descubrimiento de especies. Ésta secuencia ha sido aceptada como universal para la elaboración de códigos de barras en especies animales (Burelo-Ramos *et al.*, 2012; Sandionigi *et al.*, 2012).

Sin embargo, la tasa de sustitución del gen COI en plantas es muy baja, lo cual ha llevado a buscar secuencias alternativas tales como los genes conservados *rpoB*, *rpoC1*, *rbcL* y *matK*, así como también, los espaciadores plastidiales intergénicos *trnH-psbA*, *atpF-atpH*, *trnS-trnG* y *psbK-psbI* (Sandionigi *et al.*, 2012; Bruni *et al.*, 2015; Galimberti *et al.*, 2014) o la región nuclear *ITS* e *ITS2* (Richardson *et al.*, 2015). Estos marcadores moleculares se muestran representados en la figura 2 y las ventajas y desventajas de aquellos empleados en el trabajo se describen en la tabla 5. También se ha propuesto el uso de combinaciones de loci para aumentar la eficiencia en la identificación de especies, CBOL sugiere emplear *matK* + *rbcL*, reportando una eficiencia discriminatoria del 72% (Li *et al.*, 2015) mientras que Galimberti y colaboradores (2014) proponen la combinación de *rbcL* + *trnH-psbA*.



**Figura 15. Representación de los marcadores plastídicos (A) y nucleares (B) usados para la generación de códigos de barras moleculares en plantas.** El genoma del cloroplasto es una estructura circular con un tamaño de 120–160 kpb. La arquitectura general de los genomas del cloroplasto está representada por una región grande de copia única (LSC: *Large Single Copy Region*) y una región pequeña (SSC: *Small Single Copy*) intervenidas por dos copias de una repetición invertida grande (IR: *Large inverted Repeat IRA e IRB*) Tomada de Saddhe & Kumar, 2018

**Tabla 5. Características de los principales marcadores moleculares**  
(Hawkins *et al.*, 2015; Li *et al.*, 2015; Bruni *et al.*, 2015; Vijayan & Tsou, 2010).

GEN MARCADOR	VENTAJAS	DESVENTAJAS
<p><b><i>rbcL</i></b></p> <p>Codifica para la subunidad grande de la ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa / oxigenasa (RUBISCO) es una enzima crítica en la fotosíntesis.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Posee la más alta tasa de universalidad</li> <li>▪ Es fácil de amplificar, secuenciar y alinear en la mayoría de las plantas.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ La longitud del gen ~1430 pb. Los primers suelen amplificar fragmentos de ~ 600 pb.</li> <li>▪ Modesto poder discriminatorio, resuelve hasta nivel de tribu, familia o género. Las secuencias de <i>rbcL</i> evolucionan lentamente y este locus tiene, la divergencia más baja entre los genes plastídicos en plantas con flores.</li> </ul>
<p><b><i>matK</i></b></p> <p>Codifica para la enzima maturasa K que participa en el procesamiento de intrones de tipo II a partir de transcritos de RNA.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Tiene una tasa evolutiva alta y una tasa de transición/transversión baja.</li> <li>▪ Presenta una divergencia interespecifica mayor que <i>rbcL</i>.</li> <li>▪ Resuelve hasta nivel de género o especie.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ La longitud aproximada del gen es de 1550 pb. Los primers suelen amplificar fragmentos de ~900 pb.</li> <li>▪ Es difícil de amplificar universalmente, requiere combinaciones específicas de primers para diferentes familias de angiospermas.</li> </ul>
<p><b><i>ITS2</i></b></p> <p>La región <i>ITS</i> puede amplificarse en dos fragmentos más pequeños (<i>ITS1</i> e <i>ITS2</i>) adyacentes al locus 5.8S.</p> <p><i>ITS2</i>: segundo espaciador transcrito interno del cistrón ribosomal nuclear.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Es un poderoso marcador filogenético a nivel de especie que exhibe niveles altos de discriminación.</li> <li>▪ Es la región plastídica más variable en las angiospermas</li> <li>▪ Amplifica fácilmente debido a su naturaleza ubicua y herencia biparental.</li> <li>▪ Presenta una longitud~450 pb.</li> <li>▪ Especialmente útil para muestras degradadas.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Tiene niveles más bajos de universalidad en comparación con <i>rbcL</i>.</li> <li>▪ Algunos informes en plantas arbóreas y plantas propagadas asexualmente revelaron la presencia de cierto grado de variaciones intraindividuales, la hibridación reciente, la recombinación entre copias, la alta tasa de mutación y la formación de pseudogenes podrían ser la probable causa.</li> </ul>
<p><b><i>trnH-psbA</i></b></p> <p>Es una región espaciadora intergénica, es decir, no codificante, que se encuentra en el cloroplasto.</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Es un marcador adicional que exhibe niveles altos de divergencia entre especies y tiene altas tasas de inserción / eliminación.</li> <li>▪ Es uno de los segmentos genómicos más variables en el cloroplasto de las angiospermas con una longitud promedio aproximada de 450 pb, pero varía de los 296 a 1120 pb.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>▪ Tiene niveles bajos de universalidad</li> <li>▪ La alineación puede ser ambigua debido a su complicada evolución molecular y considerable variación en la longitud, sobre todo en familias grandes como las de angiospermas.</li> <li>▪ Suele haber terminación prematura de las lecturas causadas por repeticiones de mononucleótidos.</li> </ul>

Los códigos de barras de DNA se pueden utilizar para una amplia gama de propósitos, como en estudios genómicos, ecológicos y ambientales. Se emplean en estudios taxonómicos, inventarios de biodiversidad, prevención de exportaciones e importaciones ilegales, identificación de especies endémicas y en peligro de extinción. También son útiles para respaldar la inocuidad de los alimentos y la autenticidad del etiquetado mediante la confirmación de la identidad o la pureza de los productos (Kress, 2017; Li *et al.*, 2015; Vijayan & Tsou, 2010; Cristians-Niizawa, 2020).

En general, las consideraciones clave para los marcadores utilizados son (Kress & Erickson, 2008; Hawkins *et al.*, 2015; Cristians-Niizawa, 2020):

- i. Universalidad. Los primers deben amplificar todas las especies dentro de una mezcla, es decir, ser universales.
- ii. Discriminación. Las secuencias de interés deben hacer evidente la divergencia genética a nivel de especie.
- iii. Calidad y cobertura. Las regiones amplificadas deben ser secuencias bidireccionales cortas (400–800 pb) para facilitar la extracción y amplificación del DNA. Los sitios de flanqueo deben ser conservados.
- iv. La identificación correcta se basa en la calidad y la exhaustividad de la biblioteca de referencia con la que se comparan muestras desconocidas.

El procedimiento para la generación de código de barras en plantas consta de los siguientes pasos principales (Vere *et al.*, 2015):

- i. Recolección de las muestras, éstas deben ser caracterizadas con base en la taxonomía convencional y depositarse en un herbario de referencia (con fotografía y geolocalización). Contar con ejemplares herborizados y correctamente identificados es esencial para determinar la taxonomía molecular.
- ii. Trabajo experimental: extracción de DNA, amplificación por PCR del marcador de interés, electroforesis y secuenciación.
- iii. Obtención del código de barras: se emplea software especializado para la edición manual, alineación y verificación de datos.
- iv. Almacenamiento de la información en bases de datos: BOLD SYSTEMS (<https://www.boldsystems.org/>)

## 1.7 Códigos de barras moleculares y mieles

Con respecto a la miel, existen estudios previos que reportan la utilidad de los códigos de barras biológicos para determinar su composición. Por ejemplo, a partir de mieles multiflorales de los Alpes del norte de Italia y utilizando las regiones *rbcL* y *trnH-psbA*, Bruni *et al.* (2015) generaron una extensa base de datos de referencia de la flora local que contempló 211 nuevas secuencias y 120 preexistentes. Lograron identificar 39 especies de plantas en las muestras, incluyendo especies endémicas que les permitieron inferir el origen geográfico de la miel. En otro estudio, Richardson *et al.*, (2015) identificaron 19 familias de plantas utilizando el marcador *ITS2* acoplado al análisis melisopalinológico tradicional con el objetivo de brindar una trazabilidad confiable a las mieles. Por otro lado, Galimberti *et al.*, (2014) refieren que la caracterización molecular del polen basada en códigos de barras de DNA puede ser útil para que los apicultores obtengan productos de abejas con características nutricionales o terapéuticas específicas deseadas por las demandas del mercado, ellos identificaron 52 especies de plantas a partir del polen recolectado de colmenas, con base en las secuencias *rbcL* y *trnH-psbA* de 693 especies.

Hernández-Pineda (2016), perteneciente al grupo de trabajo de la Dra. Amanda Gálvez en la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), generó los códigos de barras moleculares para las principales especies florales cuyo polen se encuentra presente en muestras de miel de Yucatán, de acuerdo en evidencias melisopalinológicas. Estos códigos de barras se generaron empleando combinaciones de los marcadores *rbcL*, *matK* e *ITS2* para *Bursera simaruba*, *Piscidia piscipula*, *Turbina corymbosa*, *Gymnopodium floribundum* y *Viguiera dentata*.

## 1.8 Proyecto **BOLD SYSTEMS**

El proyecto *BOLD SYSTEMS (Barcode of Life Data Systems)* adquirió un enfoque internacional gracias al Consorcio para el Código de Barras de la Vida (CBOL), organización que se estableció con el objetivo de coordinar los esfuerzos internacionales hacia la creación de una base de datos de secuencias de referencia documentadas (*iBOL: international Barcode of Life*) (Burelo-Ramos *et al.*, 2012; Sandionigi *et al.*, 2012).

En México, la iniciativa comenzó tras la Primera Conferencia Internacional de Código de Barras de la Vida llevada a cabo en Londres (Elías-Gutiérrez & León-Regagnon, 2013). Actualmente, México es el nodo regional conformado por los centros nacionales de la Red MexBOL: el Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México (IBUNAM), el Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR), el Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR) y la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) (Burelo-Ramos *et al.*, 2012).

El auge del proyecto se debe a que los códigos de barras biológicos son un enfoque robusto, rápido, rentable y de amplia aplicación para el estudio de la biodiversidad a partir de la identificación de especies con base en variaciones de las secuencias nucleotídicas de una o pocas regiones cortas y estandarizadas del genoma, que se integran a la taxonomía tradicional, con el estudio morfológico y el almacenamiento sistemático de especímenes (Elías-Gutiérrez & León-Regagnon, 2013). Este enfoque se basa en la idea de que a través del análisis de variabilidad molecular estándar es posible discriminar entidades biológicas confiando en que los marcadores son lo suficientemente conservados y facilitará las investigaciones de la estructura de la comunidad. (Kress & Erickson, 2008; Sandionigi *et al.*, 2012).

## 2. JUSTIFICACIÓN

La generación de códigos de barras es una estrategia con un enfoque molecular que contribuye a la identificación y caracterización de las diversas especies vegetales. La Península de Yucatán es la principal región apícola de México y su biodiversidad abarca cerca de 2,400 especies de plantas, de las cuales 5% son endémicas. Los códigos de barras moleculares que se generen de las especies seleccionadas por proporcionar néctar y polen a las abejas europeas y meliponinos, enriquecerán la base de datos de códigos de barras de la vida (*BOLD SYSTEMS*) y sentarán las bases para futuros estudios y desarrollo de aplicaciones. Por ejemplo: en la diferenciación de mieles de acuerdo con su origen floral, lo que les conferirá un valor agregado; en estudios de diversidad que apoyen la conservación y protección de los ecosistemas, al caracterizar especies vegetales y favorecer que se reconozca su valor. Estas aplicaciones requieren bibliotecas de referencia que aún no existen para muchos taxones y regiones geográficas.

### **3. HIPÓTESIS**

Los códigos de barras moleculares que se generen tendrán diferente capacidad discriminativa para cada especie y la eficiencia de los marcadores moleculares se podrá evaluar con base en su nivel resolutivo, esperando que en todos los casos exhiban un parentesco coherente y estrecho con las secuencias de taxa emparentadas previamente depositadas en los repositorios moleculares.

## 4. OBJETIVOS

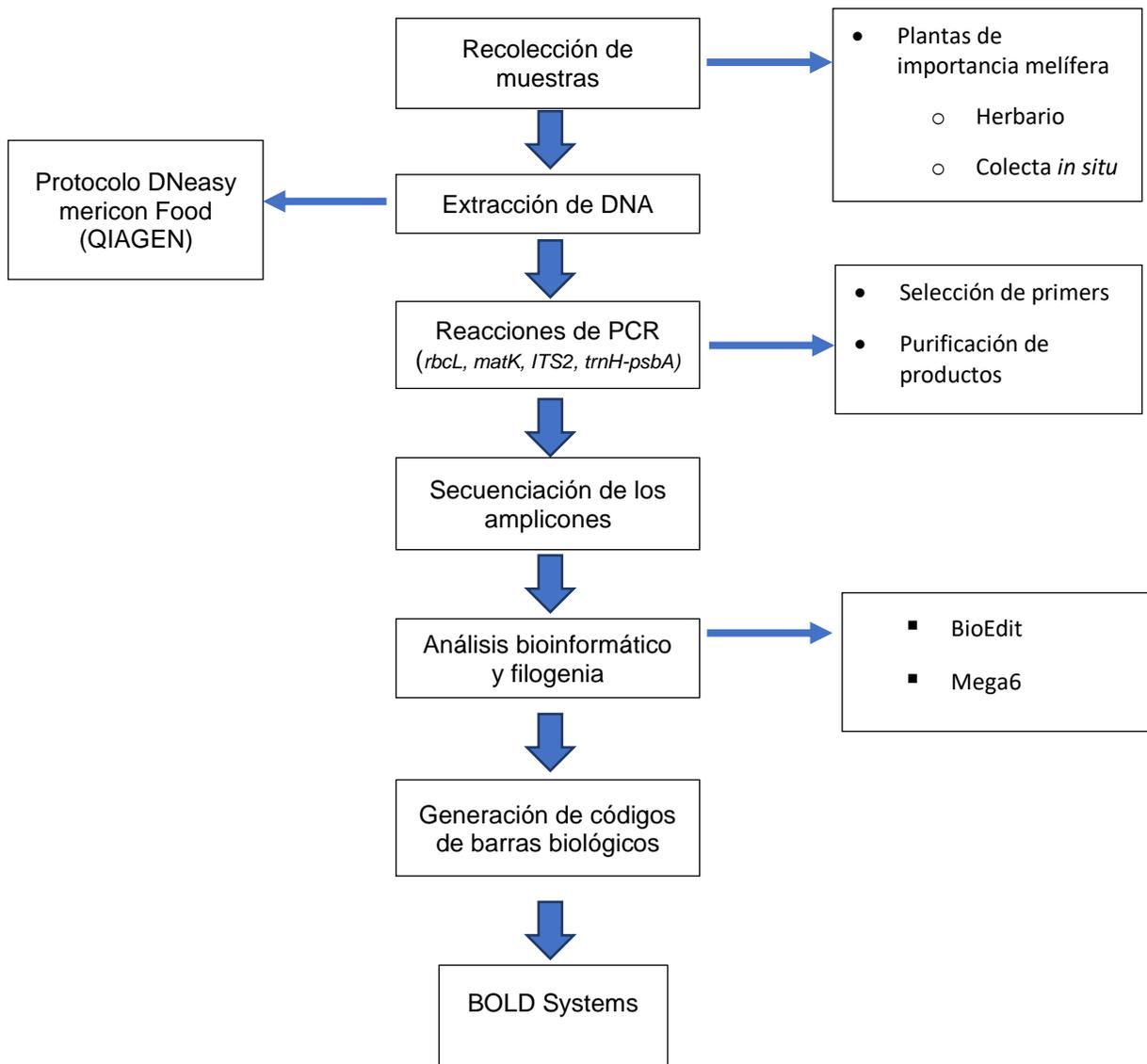
### 4.1 Objetivo general

Generar códigos de barras moleculares que permitan la identificación las especies florales de la península de Yucatán, que se han clasificado como fuente de néctar y polen para *Melipona beecheii* y *Apis mellifera*.

### 4.2 Objetivos particulares

- Generar los códigos de barras moleculares, empleando diferentes marcadores (*rbcL*, *matK*, *ITS2* y *trnH-psbA*), para al menos 10 especies florales de la península de Yucatán.
- Contribuir con información *de novo* a la base de datos de códigos de barras de la vida (*BOLD SYSTEMS*) para favorecer la identificación de las plantas contempladas en el estudio.
- Evaluar la capacidad discriminativa de los distintos marcadores moleculares para cada una de las especies previamente caracterizadas con base en la taxonomía convencional.

## 5. METODOLOGÍA



**Figura 16. Diagrama experimental.**

Se indican las actividades a realizar para cumplir con los objetivos del proyecto.

## 5.1 Colecta de material vegetal y conservación de muestras

Las plantas empleadas para este estudio son especies melíferas de importancia para las meliponas, muy apreciadas por la gente de la región y que cuentan con pocos o nulos estudios, en particular en relación a sus características moleculares. La selección se realizó con base en la guía de crianza de la abeja *Melipona beecheii* (Villanueva-Gutiérrez, 2017) y las recomendaciones del experto en flora melífera de la región, el Dr. Juan Javier Ortiz, del Departamento de Botánica de la Universidad Autónoma de Yucatán (UADY).

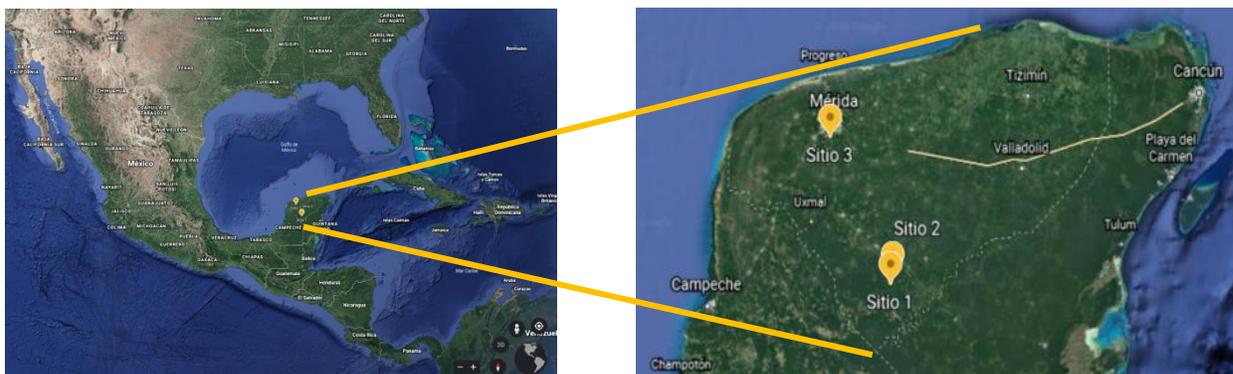
Las especies de interés para este proyecto son las plantas angiospermas que se muestran en la tabla 6 y su descripción general se detalla en el anexo 1.

**Tabla 6. Clasificación taxonómica de las especies de interés**

Nombre	Familia	Orden	Clase	Phylum
<i>Erythroxylum areolatum</i>	Erythroxylaceae	Malpighiales	Magnoliopsida	Magnoliophyta
<i>Croton reflexifolius</i>	Euphorbiaceae			
<i>Lysiloma latisiliquum</i>	Fabaceae	Fabales		
<i>Caesalpinia yucatanensis</i>	Fabaceae			
<i>Caesalpinia gaumeri</i>	Fabaceae			
<i>Lonchocarpus longistylus</i>	Fabaceae			
<i>Lonchocarpus yucatanensis</i>	Fabaceae			
<i>Alseis yucatanensis</i>	Rubiaceae	Gentianales		
<i>Metopium brownei</i>	Anacardiaceae	Sapindales		
<i>Thouinia paucidentata</i>	Sapindaceae			
<i>Cordia dodecandra</i>	Boraginaceae	Boraginales		
<i>Pimenta dioica</i>	Myrtaceae	Myrtales		
<i>Coccoloba cozumelensis</i>	Polygonaceae	Caryophyllales		
<i>Thrinax radiata</i>	Palmae	Arecales	Liliopsida	

Las muestras de tejido foliar de 2 ejemplares para cada especie fueron requeridas, una procedente de la colecta de especímenes frescos y otra procedente de un ejemplar herborizado y previamente depositado en el herbario nacional MEXU. En el anexo 2 aparecen las fotografías y detalles de colecta de los ejemplares utilizados en el estudio.

La colecta de ejemplares frescos se realizó los días 7 y 8 de diciembre de 2018. Los tres puntos de muestreo, que se observan en la figura 4, fueron visitados bajo la guía del Dr. Juan Javier Ortiz y del Dr. Luis A. Medina, responsables de la identificación taxonómica convencional y del ingreso de los ejemplares a la colección del herbario Alfredo Barrera Marín de la UADY.



**Figura 17. Localización de los sitios de muestreo.** Mapa generado con Google Earth

Los detalles de los sitios de muestreo se presentan en la tabla 7 y la información de los especímenes con relación a los sitios de colecta se especifica en la tabla 8. Las muestras frescas que se llevaron al laboratorio se sometieron a un proceso de secado de 30 días a temperatura ambiente en recipientes con papel periódico y sílica gel. Posteriormente, cada muestra se guardó en bolsas plásticas hasta su análisis.

**Tabla 7. Sitios de muestreo**

Sitio de muestreo	1	2	3
Estado / País	Yucatán, México	Yucatán, México	Yucatán, México
Localidad	Tekax, Carr. Alfonso Caso-Becanchén Km 22	Tekax, Carr. Alfonso Caso-Becanchén Km 29	Carr. Mérida-Xmatkuil Km 15.5, Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la UADY.
Coordenadas	Latitud: 19°56'44.56", Longitud: -89°10'52.01"	Latitud: 20°00'15.65", Longitud: -89°10' 06.40"	Latitud: 20°52'00.64' Longitud: -89°37'24.17"
Vegetación característica	Selva baja subperennifolia	Selva mediana subcaducifolia	Selva baja caducifolia

**Tabla 8. Identificación de los ejemplares colectados**

Espece	Nombre común	Localización	Colecta
<i>Erythroxylum areolatum</i>	Cascarillo	Sitio 1	07-XII-2018
<i>Coccoloba cozumelensis</i>	Boob ch'iich'	Sitio 1	07-XII-2018
<i>Lysiloma latisiliquum</i>	Tsalam	Sitio 1	07-XII-2018
<i>Croton reflexifolius</i>	P'e'es' kúuch	Sitio 2	07-XII-2018
<i>Thouinia canescens</i> var. <i>paucidentata</i>	K'an chuunup	Sitio 2	07-XII-2018
<i>Alseis yucatanensis</i>	Ja'as che'	Sitio 2	07-XII-2018
<i>Metopium brownei</i>	Chechem negro	Sitio 2	07-XII-2018
<i>Pimenta dioica</i>	Pimienta gorda / <i>Ixnabacuc</i>	Sitio 3	08-XII-2018
<i>Lonchocarpus longistylus</i>	Balché	Sitio 3	08-XII-2018
<i>Caesalpinia yucatanensis</i>	Taa k'in che'	Sitio 3	08-XII-2018
<i>Caesalpinia gaumeri</i>	Kitim che'	Sitio 3	08-XII-2018
<i>Cordia dodecandra</i>	Ciricote / K'opte'	Sitio 3	08-XII-2018
<i>Lonchocarpus yucatanensis</i>	Ya'ax xu'ul	Sitio 3	08-XII-2018
<i>Thrinax radiata</i>	Chit	Sitio 3	08-XII-2018

El muestreo de ejemplares de la colección del Herbario Nacional MEXU se realizó conforme a las indicaciones de los técnicos responsables. Las muestras elegidas proceden de la Península de Yucatán y corresponden a colectas posteriores al año 2000, para garantizar que se tratara de muestras de menos de 20 años de antigüedad, ya que el DNA se va degradando poco a poco y los rendimientos se ven mermados. Asimismo, ninguno de los ejemplares mostró daño foliar evidente, para evitar contaminación con material genético de otros agentes como hongos.

## 5.2 Extracción de DNA

La extracción de DNA a partir de las muestras se realizó con base en el procedimiento descrito en el protocolo *DNeasy mericon Food QIAGEN*, previamente estandarizado por la técnica del laboratorio 312, la M. en C. Cindy Estrada. La muestra fue molida en mortero. En un tubo de 2 mL se colocaron 30-50 mg de la muestra pulverizada, 1 mL de buffer de lisis (CTAB) y 2.5 µL de proteinasa K. Después de homogeneizar, se dejó en incubación por 30 min a 60 °C y en agitación constante a 600 rpm. Transcurrido el tiempo, la muestra se centrifugó a 5,000 rpm durante 5 min a 4 °C. El sobrenadante fue transferido a un tubo de 2 mL y se añadieron 500 µL de cloroformo, previa homogeneización y, se centrifugó a 12,000 rpm durante 5 min a 4 °C. En un tubo se mezclaron 350 µL de la fase acuosa con 350 µL de buffer PB, esta mezcla se colocó en una columna con tubo colector y se centrifugó a 10,000 rpm durante 1 min.

Posteriormente, se adicionaron 500 µL de buffer AW2 a la columna y se centrifugó a 10,000 rpm durante 1 min. Después de descartar el residuo, la columna vacía se centrifugó a 10,000 rpm durante 1 min. La columna se colocó en un tubo de 1.6 mL y se agregaron 50 µL de buffer EB (calentado previamente a 60°C). Finalmente, la columna se incubó a 60 °C por 2 min y se centrifugó a 12,000 rpm durante 1 min.

La concentración de DNA obtenido y su grado de pureza, en función de su relación  $A_{260}/A_{280}$ , fueron determinadas por medio del equipo espectrofotométrico *Epoch Biotek*. El DNA se conservó en congelación a -20 °C hasta su análisis.

### 5.3 Amplificación por PCR de *matK*, *rbcL*, *ITS2* y *trnH-psbA*

La generación de códigos de barras en plantas requirió de *primers* específicos previamente registrados en los protocolos del *CBOL's Plant Working Grupo* para llevar a cabo la amplificación de los marcadores *matK*, *rbcL*, *ITS2* y *trnH-psbA*, cuyas secuencias se muestran en la tabla 9.

**Tabla 9. Primers empleados para amplificación de genes marcadores *matK*, *rbcL* e *ITS2***

Primer	Secuencia 5' → 3'	Tm	Referencia
<i>rbcLa-F</i>	ATG TCA CCA CAA ACA GAG ACT AAA GC	56.4	Levin, 2003
<i>rbcLajf634R</i>	GAA ACG GTC TCT CCA ACG CAT	54.4	Kress <i>et al.</i> , 2005; Fazekas <i>et al.</i> , 2008
<i>matK1-390F</i>	CGA TCT ATT CAT TCA ATA TTT C	45.5	Cuenoud <i>et al.</i> , 2002
<i>matK1-1326R</i>	TCT AGC ACA CGA AAG TCG AAG T	53.0	
1R_Kimr ( <i>matK</i> )	ACC CAG TCC ATC TGG AAA TCT TGG TTC	59.7	CBOL, 2009
3F_Kimf ( <i>matK</i> )	CGT ACA GTA CTT TTG TGT TTA CGA G	54.4	
<i>ITS2_S2F</i>	ATG CGA TAC TTG GTG TGA AT	47.7	Chen <i>et al.</i> , 2010
<i>ITS4_R</i>	TCC TCC GCT TAT TGA TAT GC	66.2	White <i>et al.</i> , 1990
<i>ITS2_S2F</i>	ATG CGA TAC TTG GTG TGA AT	47.7	Chen <i>et al.</i> , 2010
<i>ITS2_S3R</i>	GAC GCT TCT CCA GAC TAC AAT	52.4	
<i>psbA3_f</i>	GTT ATG CAT GAA CGT AAT GCT C	52.3	Sang <i>et al.</i> , 1997; Kress <i>et al.</i> , 2005;
<i>trnHf_05</i>	CGC GCA TGG TGG TGG ATT CAC AAT CC	61.1	Tate & Simpson, 2003

F: Forward, R: Reverse

La amplificación se realizó mediante PCR de punto final y se utilizó la enzima *Pfu DNA polymerase* (Thermo Scientific®) para tal propósito. La concentración de los reactivos y las condiciones para la PCR se enlistan en las tablas 10 y 11 respectivamente. Finalmente, los amplicones se purificaron con la finalidad de eliminar contaminantes en la secuencia.

Todos los primers elegidos ya habían sido utilizados en el laboratorio en trabajos previos. Para amplificar los marcadores *rbcL* y *trnH-psbA*, se utilizó un par de *primers*. Sin embargo, para *matK* e *ITS2* se tomaron en consideración dos pares de *primers* respectivamente, con el fin de observar con cuáles se obtendría un mejor resultado, de acuerdo a los referido por la técnica Cindy Estrada, en cuya experiencia la utilidad de los *primers* varía en función de cada muestra.

**Tabla 10. Reactivos para las reacciones de PCR**

Reactivo	Cantidad en $\mu\text{L}$ por reacción	Concentración final
10X Buffer	5	2 mM
dNTP	4	0.2 mM
Primer F	1.5	0.2 mM
Primer R	1.5	0.2 mM
Pfu Taq Polimerasa	0.6	1.5 U
DNA	-	100 $\mu\text{g}$

**Tabla 11. Condiciones de ciclado para la amplificación por PCR**

Condición	<i>rbcL</i>	<i>matK</i>	<i>ITS2</i>	<i>trnH-psbA</i>
Desnaturalización inicial	94 °C / 4 min	95 °C / 2 min	94 °C / 3 min	95 °C / 2:30 min
Número de ciclos	35	35	35	35
Desnaturalización	94 °C / 30 s	94 °C / 30 s	95 °C / 30 s	95 °C / 30 s
Alineamiento	55 °C / 30 s	52 °C / 30 s	56 °C / 30 s	58 °C / 30 s
Extensión	72 °C / 1 min	72 °C / 50 s	72 °C / 30 s	64 °C / 1 min
Extensión final	72 °C / 10 min	72 °C / 5 min	72 °C / 7 min	72 °C / 7 min

Los productos de amplificación se visualizaron en geles de agarosa al 1% teñidos con bromuro de etidio. Se tomó en consideración que las bandas coincidieran con el peso esperado reportado en la bibliografía, para ello se utilizó el marcador de peso molecular *Gene Ruler Thermoscientific* 100 pb y como control positivo una muestra de DNA de chepil previamente caracterizada, proporcionada por la técnica del laboratorio. Se seleccionaron aquellos amplicones que mostraron una amplificación evidente, clara y sin productos inespecíficos para su purificación.

La purificación de los productos se realizó siguiendo las instrucciones del *QIAquick® PCR Purification Kit* de *Qiagen*, utilizando una relación de 1:5 de reacción de PCR con Buffer PB, el cual fue homogeneizado y calentado a 60°C durante 5 min. La mezcla fue vertida en una columna, centrifugada a 10, 000 x g durante 1 min, y se le hizo un lavado con buffer PE. Posterior al lavado, la columna fue transferida a un tubo colector y se eluyó con 30 µL de agua destilada estéril. El producto de elución se almacenó a -20°C.

#### **5.4 Análisis de datos a partir de la secuenciación**

Los productos de PCR purificados fueron secuenciados por la empresa *Macrogen®*. Las secuencias obtenidas fueron revisadas utilizando el programa *BioEdit®* y se sometieron a un alineamiento local con la herramienta *BLASTN®* del *NCBI*. El algoritmo en que se fundamenta este análisis consiste en un método heurístico que localiza coincidencias entre dos secuencias, lo que permite realizar búsquedas rápidas a expensas de una mayor precisión (Sandionigi *et al.*, 2012). El alineamiento de las secuencias y la construcción de los árboles filogenéticos por el método de *Neighbor-Joining* se realizó empleando los programas bioinformáticos *ClustalW* y *MEGA6®*. Las secuencias para la construcción de los árboles filogenéticos fueron obtenidas de las bases de datos *BOLD SYSTEMS* y GenBank.

#### **5.5 Generación de los códigos de barras moleculares**

Una vez realizada la edición de las secuencias, se ingresaron al portal *BOLD SYSTEMS* los datos de los especímenes, con sus secuencias editadas en formato *FASTA*. Los archivos con las secuencias sin editar y su cromatograma correspondiente se cargaron como parte del control de calidad. Todo el procedimiento se realizó siguiendo los lineamientos de *BOLD SYSTEMS* y de *CBOL Plant Working Group*.

## 6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 6.1 Calidad del DNA genómico

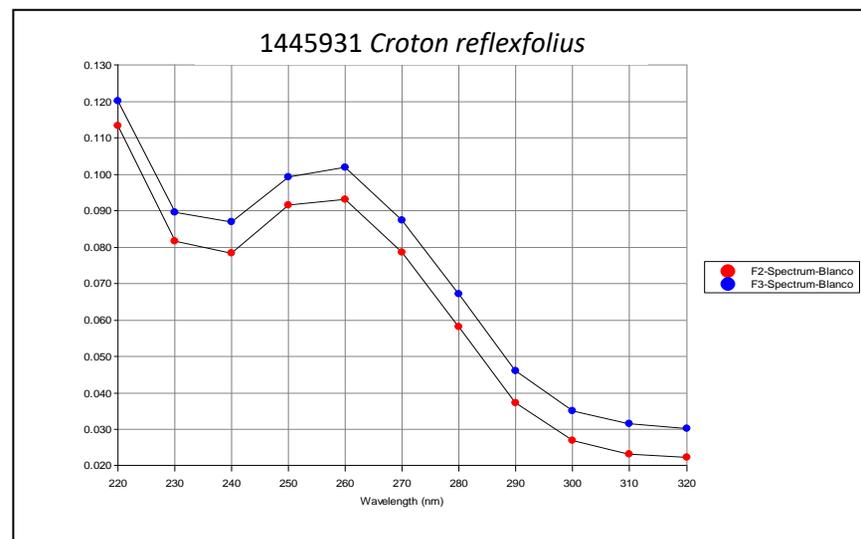
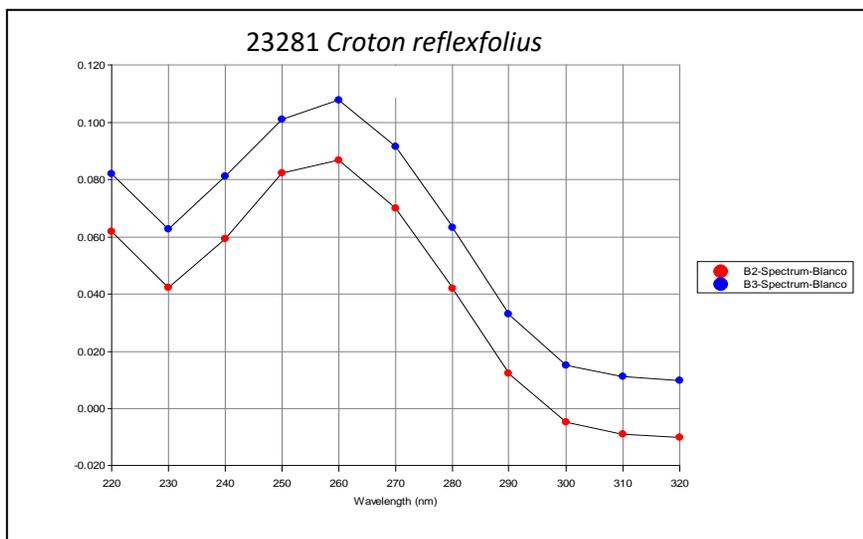
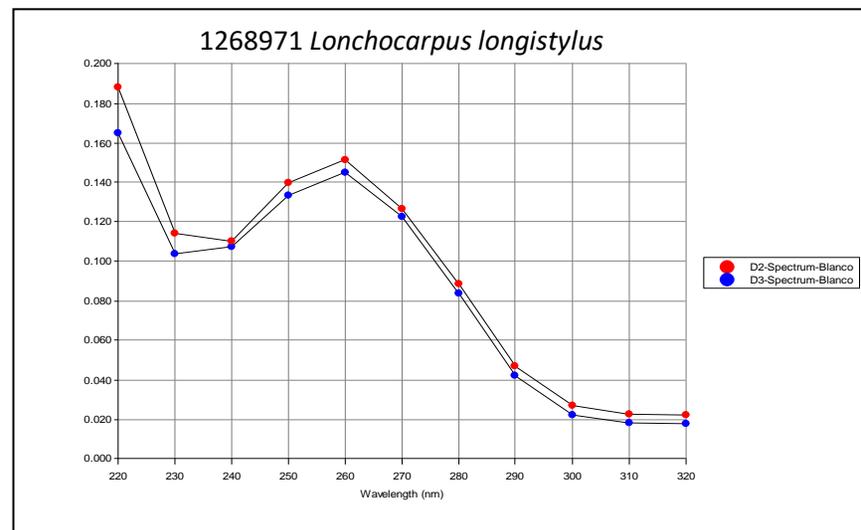
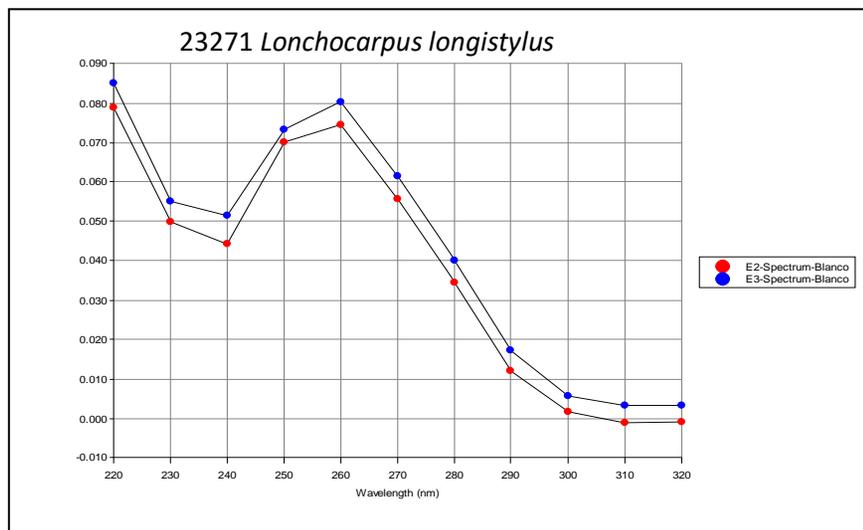
El primer paso para la generación de los códigos de barras moleculares fue la extracción de DNA de las muestras. La Tabla 12 refiere las concentraciones de DNA obtenidas y la relación  $A_{260/280}$ . De algunas muestras del Herbario MEXU no se logró obtener más de 5 ng/ $\mu$ L de DNA (resultados no mostrados), a pesar de haber repetido el procedimiento de extracción e inclusive haber realizado variaciones tales como aumentar la cantidad de muestra a 100 mg y realizar dos lavados con cloroformo. La estrategia alternativa en estos casos fue utilizar otros ejemplares de la misma especie priorizando la región y fecha de colecta reciente.

Los rendimientos en la cantidad de DNA obtenidos fueron muy variables, algunos fueron muy bajos, como para *Pimenta dioica*, donde se obtuvieron menos de 20 ng/ $\mu$ L de DNA en todos los casos. Esta variación en los rendimientos pudo deberse a varios factores: no tenemos certeza de cómo fueron procesados los ejemplares, si se sometieron a tratamiento térmico o sólo al prensado y qué efecto tuvieron sobre el material genético los procesos de fumigación a que se sometieron por protocolo de conservación. Las diferencias entre las concentraciones de DNA obtenidas se atribuyeron también a las características intrínsecas de las plantas trabajadas, algunas demasiado fibrosas y difíciles de pulverizar, lo que influyó directamente en la extracción, por ejemplo, al disminuir la superficie de contacto de la proteinasa K. Además, el rendimiento depende en gran medida de la calidad del tejido tisular usada, del número y tamaño de las células, de la etapa de crecimiento de la hoja y su composición bioquímica, es decir, la presencia de altas concentraciones de polifenoles, taninos, polisacáridos y otros metabolitos secundarios (Heikrujam *et al.*, 2020). Se sugiere que, para incrementar el rendimiento en la obtención de DNA en estudios futuros, se tomen en consideración al menos dos métodos, ya que es bien sabido que no existe un método universal estandarizado para el aislamiento de ácidos nucleicos en plantas, debido a la alta variabilidad de componentes y metabolitos secundarios existentes (Friar, 2005).

No obstante, en todos los casos la calidad del DNA obtenido fue evidenciada por una relación de  $A_{260/280}$  con valores cercanos a 2 y espectros de absorción con un pico a 260 nm, mientras que a 280 no se observaron incrementos, esto indica la ausencia de proteínas contaminantes. En la figura 5 se muestran cuatro ejemplos de los espectros de absorción.

**Tabla 12. Calidad del DNA de las muestras**

	Espece	Ejemplar de Referencia	Conc. Prom (ng/ $\mu$ L)	Relación 260/280
1	<i>Erythroxylum areolatum</i>	UADY: 23271	21.3	1.5
		MEXU:1182551	62.7	2.0
2	<i>Lysiloma latisiliquum</i>	UADY: 21962	27.4	1.9
		MEXU:1467380	124.8	1.9
3	<i>Croton reflexifolius</i>	UADY: 23281	31.8	1.9
		MEXU:1445931	75.9	2.0
4	<i>Alseis yucatanensis</i>	UADY: 17306	25.3	2.0
		MEXU:1454876	62.4	1.6
5	<i>Thouinia canescens var. paucidentata</i>	UADY: 12838	19.9	2.0
		MEXU:1437264	23.1	2.1
6	<i>Metopium brownie</i>	UADY: 23269	29.5	1.9
		MEXU:1474825	42.2	2.0
7	<i>Thrinax radiata</i>	UADY: 23077	132.2	1.8
		MEXU:625022	93.9	1.9
8	<i>Cordia dodecandra</i>	UADY: 23274	24.0	1.7
		MEXU:1292197	22.5	1.7
9	<i>Caesalpinia yucatanensis</i>	UADY: 23273	125.1	2.1
		MEXU:962850	66.4	1.8
10	<i>Caesalpinia gaumeri</i>	UADY: 23272	20.2	2.0
		MEXU:1481195	61.4	1.9
11	<i>Lonchocarpus longistylus</i>	UADY: 23271	80.9	2.1
		MEXU:1268971	136.8	1.9
12	<i>Lonchocarpus yucatanensis</i>	UADY: 14849	46.6	2.0
		MEXU:156199	55.6	1.9
13	<i>Pimenta dioica</i>	UADY: 23270	8.1	1.8
		MEXU:1120872	18.4	1.8
14	<i>Coccoloba cozumelensis</i>	UADY: 23280	14.7	1.8
		MEXU:1156263	28.4	1.7



**Figura 18. Espectros de Absorción de DNA (ejemplo de 4 muestras).** A la izquierda se muestran dos espectros de absorción de los ejemplares depositados en el herbario Alfredo Barrera Marín y a la derecha de los provenientes del herbario MEXU. Las muestras se leyeron por duplicado y se observa coincidencia en los espectros, así como similitud entre las lecturas.

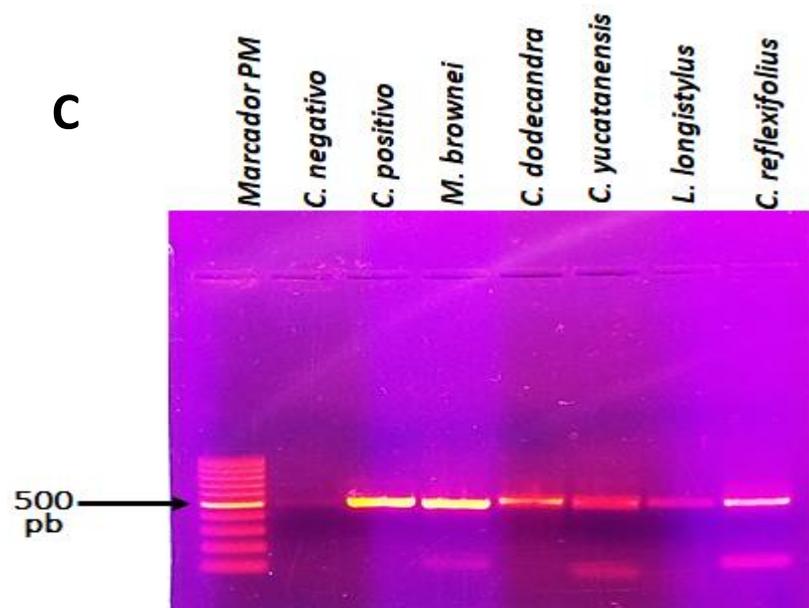
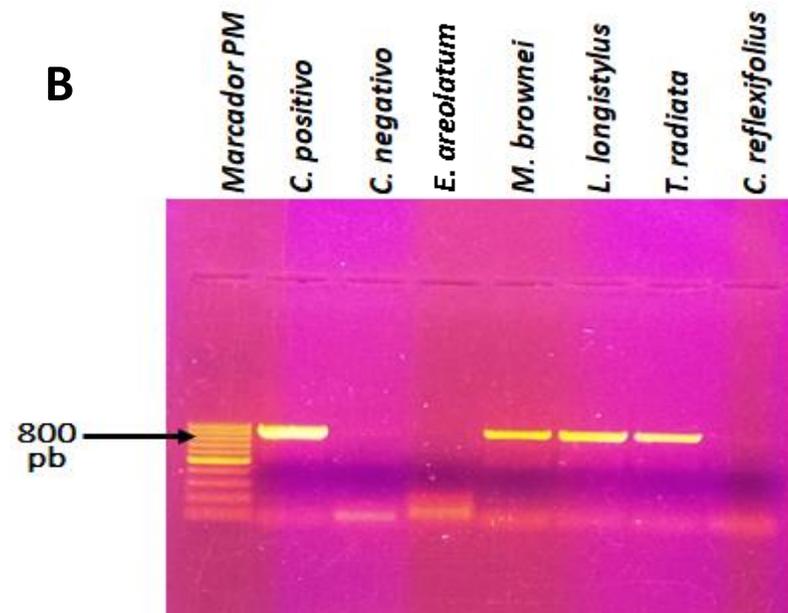
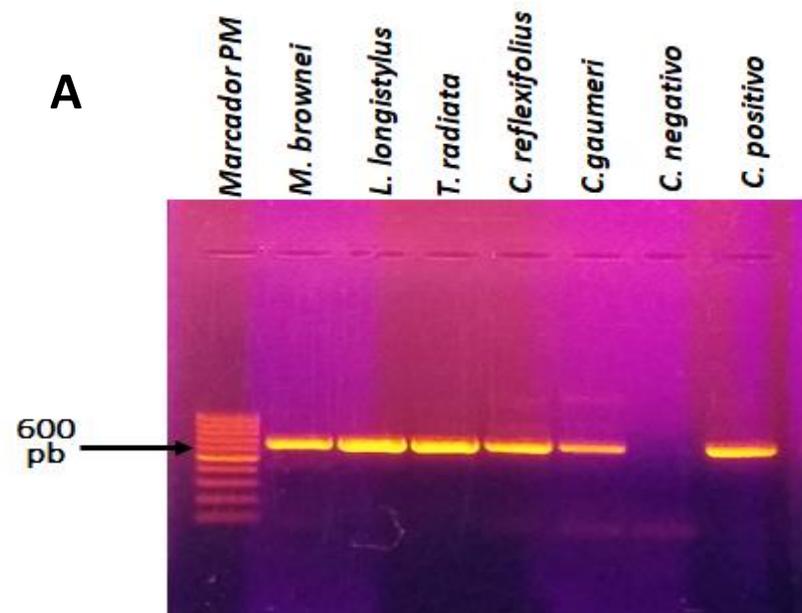
## 6.2 Amplificación y secuenciación de los marcadores moleculares

El siguiente paso fue la amplificación de los marcadores moleculares. Los genes del cloroplasto son análogos al gen mitocondrial que se ha utilizado para el código de barras de DNA en animales. Sin embargo, los genes de cloroplastos tienen una tasa de evolución más lenta. Por lo tanto, encontrar secuencias genéticas adecuadas con suficiente poder discriminatorio entre especies es un gran desafío, por lo que no existe un marcador universal para plantas (Vijayan y Tsou, 2010). En razón de lo anterior y de acuerdo con las recomendaciones de CBOL, se eligieron los siguientes marcadores moleculares: *rbcL*, *matK*, *ITS2* y *trnH-psbA*.

En el caso de *Pimenta dioica* y *Coccoloba cozumelensis*, no se obtuvo amplificación de ningún amplicón. El comportamiento observado en dichas muestras se atribuyó a la presencia de compuestos fitoquímicos que pueden interferir con la reacción de la *Taq* polimerasa (Friar, 2005). La PCR se repitió sin obtener resultados satisfactorios, por lo que se descartaron estas muestras para los análisis posteriores. También hubo complicaciones con las muestras de *Thouinia paucidentata*, *Cordia dodecandra*, *Caesalpinia gaumeri* y *Caesalpinia yucatanensis* del herbario MEXU; se consideró que el DNA pudo haber estado muy degradado en estos casos, ya que en los otros ejemplares de las mismas especies sí se obtuvo amplificación. El protocolo de PCR se realizó de nuevo para estas muestras y, al no obtener resultados satisfactorios se repitió desde el procedimiento de extracción. No se observaron cambios.

En general, para *Pimenta dioica* y *Coccoloba cozumelensis* no se obtuvo ningún producto de amplificación. En el caso de *Thouinia paucidentata*, *Cordia dodecandra* y ambas especies de *Caesalpinia* tampoco se obtuvieron productos de amplificación de los ejemplares del herbario MEXU (tabla 13). Los resultados negativos que se reportan fueron consistentes al repetir el procedimiento de amplificación.

En lo particular, el marcador *rbcL* fue el que amplificó con mayor eficiencia (75%), se obtuvieron amplicones para doce ejemplares del herbario Alfredo Barrera Marín y para ocho del herbario MEXU. Las bandas se apreciaron bien definidas, con un peso molecular correspondiente al esperado de aproximadamente 600pb, como se muestra en los ejemplos de la figura 6A.



**Figura 19.** Ejemplos de productos de PCR de los marcadores moleculares A) *rbcL*, B) *matK* y C) *ITS2*. Electroforesis en gel de agarosa al 1%. Se empleó el marcador de peso molecular *Gene Ruler Thermoscientific* 100 pb, como control positivo una muestra de DNA de chepil ya caracterizada, proporcionada por la M. en C. Cindy Estrada. Los productos corresponden a los ejemplares del herbario Alfredo Barrera Marín.

**Tabla 13. Productos de PCR amplificados y secuenciados**

	Nombre	Ejemplar de Referencia	<i>rbcL</i>	<i>matK</i>	<i>ITS2</i>	<i>trnH-psbA</i>
1	<i>Erythroxylum areolatum</i>	UADY: 23271	+	-	+	-
		MEXU:1182551	+	-	+	-
2	<i>Lysiloma latisiliquum</i>	UADY: 21962	+	+	-	+
		MEXU:1467380	+	+	-	+
3	<i>Croton reflexifolius</i>	UADY: 23281	+	-	+	-
		MEXU:1445931	+	-	+	-
4	<i>Alseis yucatanensis</i>	UADY: 17306	+	+	-	-
		MEXU:1454876	+	+	-	-
5	<i>Thouinia canescens var. paucidentata</i>	UADY: 12838	+	-	+	+
		MEXU:1437264	-	-	-	-
6	<i>Metopium brownei</i>	UADY: 23269	+	+	+	-
		MEXU:1474825	+	+	+	-
7	<i>Thrinax radiata</i>	UADY: 23077	+	+	-	-
		MEXU:625022	+	+	-	+
8	<i>Cordia dodecandra</i>	UADY: 23274	+	+	-	+
		MEXU:1292197	-	-	-	-
9	<i>Caesalpinia yucatanensis</i>	UADY: 23273	+	+	+	+
		MEXU:962850	-	-	-	-
10	<i>Caesalpinia gaumeri</i>	UADY: 23272	+	+	+	+
		MEXU:1481195	-	-	-	-
11	<i>Lonchocarpus longistylus</i>	UADY: 23271	+	+	+	-
		MEXU:1268971	+	+	+	-
12	<i>Lonchocarpus yucatanensis</i>	UADY: 14849	+	+	+	+
		MEXU:156199	+	+	+	+
13	<i>Pimenta dioica</i>	UADY: 23270	-	-	-	-
		MEXU:1120872	-	-	-	-
14	<i>Coccoloba cozumelensis</i>	UADY: 23280	-	-	-	-
		MEXU:1156263	-	-	-	-
<b>EFICIENCIA EN LA AMPLIFICACIÓN</b>			75.0%	53.5%	46.4%	32.1%

NOTA: +: Amplificó; -: No amplificó

El marcador *matK* intentó amplificarse utilizando dos pares de *primers*. El par *matK1-390F* y *matK1-1326R* (Cuenoud *et al.*, 2002), utilizado en el laboratorio en trabajos previos con DNA de quelites, se descartó por su ineficiencia, ya que las bandas obtenidas fueron muy tenues o inexistentes en todos los casos. El par 1R\_Kimr y 3F\_Kimf (CBOL, 2009) mostró una mejor resolución. Se observaron las bandas con un peso molecular de alrededor de 800pb, como en los ejemplos de la figura 6B. Se obtuvieron los amplicones de nueve especímenes del herbario de la UADY y de seis del herbario MEXU. Kress & Erickson (2008) señalan que *matK* presenta un bajo grado de éxito durante la amplificación, sin que este resultado se vea influenciado por la cantidad o la calidad del DNA.

El marcador *ITS2* se ha recomendado por su capacidad de discriminación a nivel de especie (Saddhe & Kumar, 2018). También para éste se tomaron en consideración dos pares de *primers* y se generaron amplicones únicamente con el par *ITS2\_S2F* e *ITS2\_S3R* (Chen *et al.*, 2010). Acorde con lo reportado en la literatura, se observaron bandas de aproximadamente 500pb (figura 6C) para ocho de los especímenes del herbario de la UADY y cinco del herbario MEXU.

En el caso de estos tres marcadores moleculares, tras la secuenciación se obtuvieron secuencias de buena calidad que pudieron someterse a los análisis posteriores (tabla 13). Sin embargo, para el marcador *trnH-psbA*, aunque se logró la amplificación de las mismas muestras que para el marcador *rbcL*, observando bandas definidas y tenues de bajo peso molecular, tras la secuenciación, varios de los cromatogramas resultaron ilegibles debido a la superposición y desfase de los picos. Por tal motivo, en la tabla 13 sólo se consideraron los amplicones obtenidos para seis de los especímenes del herbario Alfredo Barrera Marín y para tres ejemplares del herbario MEXU cuyas secuencias se utilizaron en la construcción de los árboles filogenéticos que más adelante se detallan. La mayoría de las secuencias inespecíficas y de baja resolución se atribuyeron a la corta longitud y a la dificultad de su alineamiento, como consecuencia de un alto número de inserciones y deleciones aleatorias en estas secuencias. (Chase *et al.*, 2007).

En total se obtuvieron 58 secuencias (tabla 13) que se consideraron para los análisis posteriores.

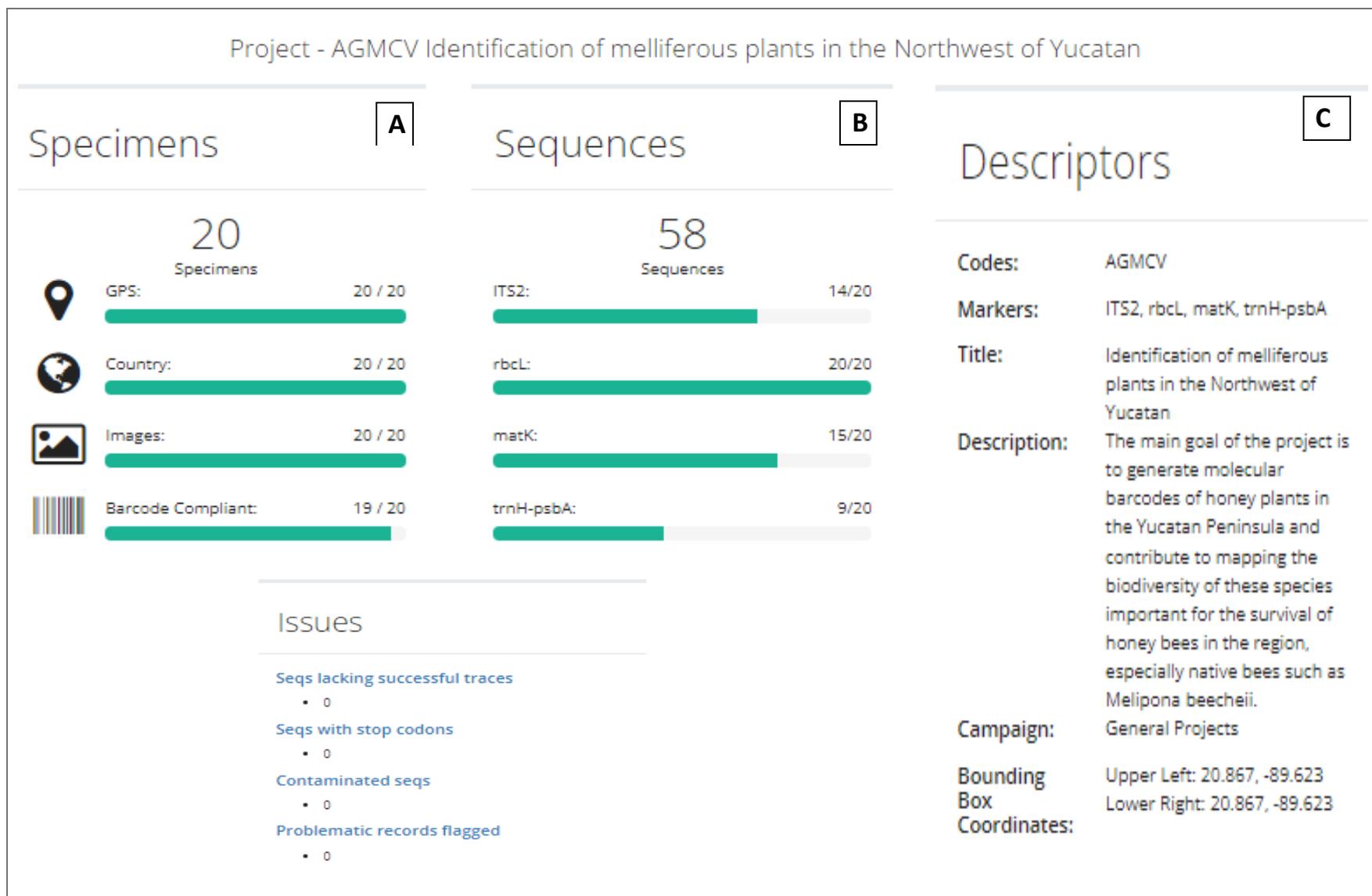
### 6.3 Base de datos de *BOLD SYSTEMS*

Las 58 secuencias generadas se depositaron en *BOLD SYSTEMS*, por tratarse de una base de datos especializada con altos estándares de calidad especificados en el manual de CBOL, disponible en el sitio web (<https://boldsystems.org/>). Fue necesario referir la información de los ejemplares colectados y depositados en los herbarios, de los *primers* utilizados y subir las secuencias generadas. Asimismo, una vez cargadas las secuencias en la plataforma fue necesario realizar un análisis para verificar su calidad y corroborar que no contuvieran codones *stop*. El compendio de datos morfológicos, ecológicos, fisiológicos y genéticos, que incluye a los códigos de barras moleculares, contribuye de manera significativa a lograr descripciones más amplias y específicas de una especie en particular.

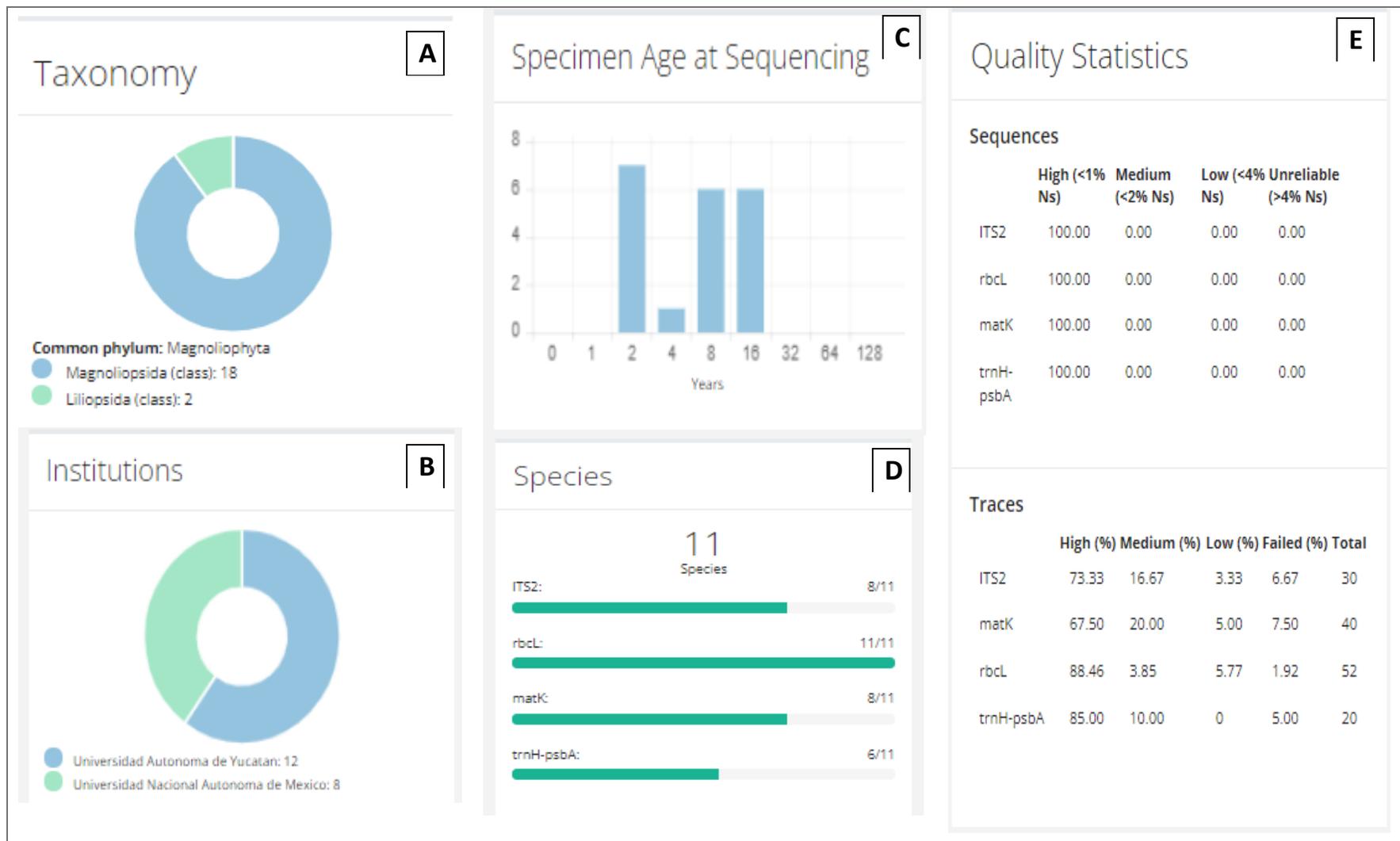
No se encontró información previa de las plantas estudiadas provenientes de la Península de Yucatán en la base de datos de *BOLD SYSTEMS*, por lo que toda la información generada en este estudio es inédita. Sin embargo, el buscador del Portal de *BOLD SYSTEMS* arrojó algunas secuencias producto de la minería de datos sobre secuencias indexadas en *GenBank*. Éstas no están asociadas a especies identificadas mediante taxonomía convencional y no es posible saber si corresponden a ejemplares depositados en herbarios de referencia. Se encontró una secuencia de *rbcL* y *matK* para *Erythroxylum areolatum*, una de *rbcL* para *Metopium brownei* de Veracruz, una de *ITS2* para *Croton reflexifolius* de Chiapas y una más para *Lonchocarpus longistylus* de Colombia.

Los resultados generados son los primeros esfuerzos enfocados a cumplir el propósito de enriquecer la base de datos de *BOLD SYSTEMS* con información de plantas melíferas endémicas de Yucatán que sienten bases para proyectos futuros.

A continuación se muestra un ejemplo, mediante capturas de pantalla, de la información que se puede visualizar en la base de datos de *BOLD SYSTEMS*. En las figuras 7 a 10 se presenta información general del proyecto, teniendo en consideración el total de los ejemplares y de las secuencias indexadas en la base de datos. En las figuras siguientes se presentan ejemplos particulares con la información de los ejemplares y de los códigos de barras moleculares generados para los mismos. En el caso de *Metopium brownei* en las figuras de la 11 a la 15 y para *Lonchocarpus yucatanensis* de las figuras 16 a la 21. En el anexo 3 se encuentran todos los códigos de barras moleculares generados para cada una de de las plantas de interés.



**Figura 20. Información general del proyecto en *BOLD SYSTEMS* I.** A) Total de especímenes contemplados en el estudio. B) Total de secuencias indexadas de cada marcador molecular en relación al total de especímenes. C) Descripción del objetivo principal del proyecto

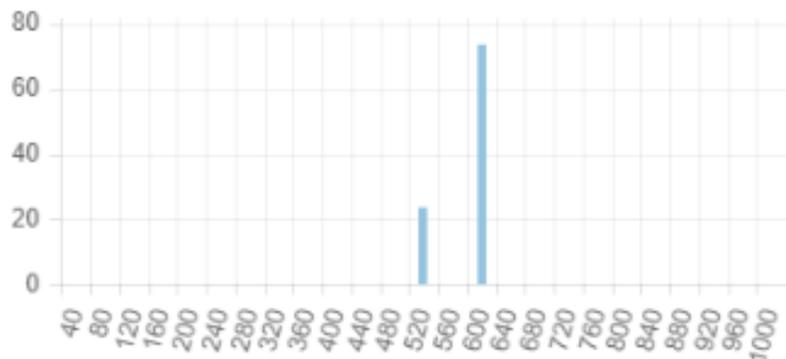


**Figura 21. Información general del proyecto en BOLD SYSTEMS II.** A) Taxones a los que pertenecen los especímenes contemplados en el estudio. Todos pertenecientes al phylum Magnoliophyta. B) Instituciones donde se encuentran depositados los ejemplares herborizados. Ocho pertenecen al herbario de la UNAM (MEXU) y doce al herbario de la UADY. C) Edad de los especímenes. Todos tenían menos de 20 años de antigüedad cuando se realizó el muestreo. D) Total de las secuencias indexadas de cada marcador molecular en relación al total de especies. E) Calidad de las secuencias.

## Sequence Length Distribution (%)

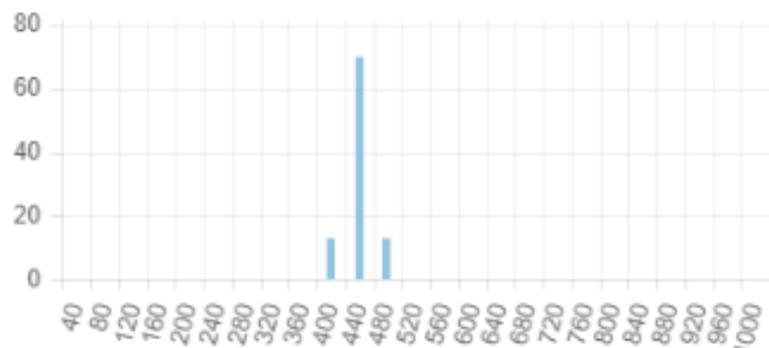
**rbcl**

**A**



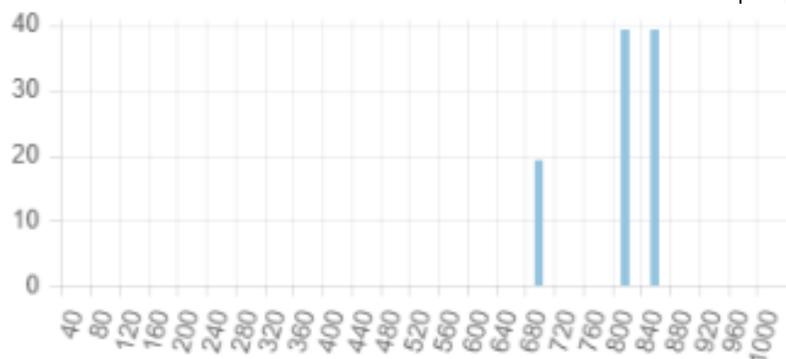
**ITS2**

**C**



**matK**

**B**



**trnH-psbA**

**D**



**Figura 22. Distribución de la longitud de las secuencias indexadas en BOLD SYSTEMS.** Se tomaron en consideración el total de las secuencias indexadas y se observa la distribución porcentual de las mismas en relación a su longitud en pb para cada marcador molecular. A) *rbcL*. 75% de las secuencias indexadas tienen una longitud de 600 pb mientras que 25 %, de 520 pb. B) *matK*. 40%: 800 pb, 40%:840 pb y 20%: 680 pb. C) *ITS2*. Entre 400 pb y 480 pb. En particular, 71.4%: 440pb, 14.3%: 440 pb y 14.3%: 480 pb. D) *trnH-psbA*. . 40%: 360 pb, 40%:480 pb y 20%: 440 pb. Las secuencias generadas de mayor longitud corresponden a *matK*, mientras que para *ITS2* y *trnH-psbA* son menores de 500 pb.

Identification	Specimen Page	Sequence Page	Record Flags Legend						Bases [Ambig]				
										ITS2	rbcL	matK	trnH-psbA
Croton reflexifolius	UADY23281	AGMVC008-20								442[0n]	626[0n]	0[0n]	0
Thrinax radiata	MEXU625022	AGMVC009-20								0	607[0n]	868[0n]	675[1n]
Lanchoarpus punctatus	MEXU1268971	AGMVC012-20								421[2n]	612[0n]	849[0n]	0
Caesalpinia gaumeri	UADY23272	AGMVC010-20								463[0n]	626[0n]	825[0n]	458[0n]
Lanchoarpus punctatus	UADY_23271	AGMVC013-20								431[0n]	633[0n]	809[0n]	0
Lanchoarpus yucatanensis	MEXU1156199	AGMVC014-20								455[0n]	632[0n]	788[0n]	368[0n]
Cordia	UADY23274	AGMVC015-20								505[0n]	623[0n]	830[0n]	383[0n]
Caesalpinia yucatanensis	UADY23273	AGMVC011-20								407[0n]	634[0n]	809[0n]	497[0n]
Alseis yucatanensis	L312-001	AGMVC017-20								0	630[0n]	826[0n]	0
Thouinia paucidentata	L312-017	AGMVC018-20								482[0n]	521[0n]	0[0n]	384[0n]
Thrinax radiata	L312-006	AGMVC019-20								0	630[0n]	822[0n]	0
Lanchoarpus yucatanensis	L312-018	AGMVC020-20								458[0n]	599[0n]	839[0n]	374[0n]
Erythroxylum areolatum	MEXU1182551	AGMVC001-20								464[0n]	607[0n]	0[0n]	0
Erythroxylum areolatum	UADY23271	AGMVC002-20								456[0n]	631[0n]	0[0n]	0
Lysiloma latisiliquum	MEXU1467380	AGMVC003-20								0	632[0n]	632[0n]	463[0n]
Alseis yucatanensis	MEXU1454876	AGMVC004-20								0	633[0n]	697[0n]	0
Metopium brownei	MEXU1474825	AGMVC005-20								471[1n]	593[0n]	864[0n]	0
Metopium brownei	UADY23269	AGMVC006-20								468[0n]	623[0n]	858[0n]	0
Croton reflexifolius	MEXU1445931	AGMVC007-20								446[0n]	590[0n]	0[0n]	0
Lysiloma latisiliquum	L312-015	AGMVC016-20								0	541[0n]	837[0n]	489[0n]

- GPS Coordinates
- Images
- Traces
- Barcode Compliant
- Stop Codon
- Contamination
- Flagged

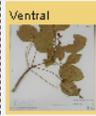
**Figura 23. Listado de los códigos de barras depositados en BOLD SYSTEMS.** Para cada especie se muestra el identificador de cada espécimen, la ausencia de codones *stop* y contaminaciones en las secuencias y, los códigos de barras que se generaron para cada especie así como su longitud.

# Specimen Record Page: MEXU1474825

MEXU1474825



**Object ID:** caos-cloud.linode-us-east-10\_266.6bbb0387-303a-485b-863e-21382badf35d.jpg  
**Original Name:** AGMVC/MEXU-Metopium-brownei+1583350106.jpg  
**Sample ID:** MEXU1474825  
**Meta:** Ventral



**Created:** 2023-02-16T22:21:26.526639  
**Last Updated:** 2023-03-21T15:55:29.896973  
**Catalognum:** MEXU1474825  
**Caption:**  
**External:**  
**Copyright License Holder:**  
**Copyright License Year:** 2019  
**Copyright License:** Copyright  
**Copyright License Institution:** Universidad Nacional Autónoma de México  
**Copyright License Contact:** catavg\_qbp@yahoo.com.mx  
**Photographer:**  
**Measurement:**  
**Measurement Type:**

[Edit Specimen](#)

## Specimen Details

<b>Sample ID:</b> MEXU1474825	<b>Voucher Status:</b>
<b>Process ID:</b> AGMVC005-20	<b>Tissue Descriptor:</b>
<b>Project:</b> AGMVC	<b>Sex:</b>
<b>Institution Storing:</b> Universidad Nacional Autónoma de México	<b>Reproduction:</b>
<b>Field ID:</b>	<b>Life Stage:</b>
<b>Museum ID:</b> MEXU1474825	<b>Extra Info:</b>
<b>Collection Code:</b> IBUNAM:MEXU:1474825	<b>Associated Taxa:</b>
<b>Reference Link:</b>	<b>Associated Specimens:</b>
<b>Note:</b>	

## Taxonomy

<b>Kingdom:</b> Plantae	<b>Identification:</b> Metopium brownei
<b>Phylum:</b> Tracheophyta	<b>Tax ID:</b> 294834
<b>Class:</b> Magnoliopsida	<b>Rank:</b> species
<b>Order:</b> Sapindales	<b>Identifier:</b>
<b>Family:</b> Anacardiaceae	<b>Identifier Email:</b>
<b>Subfamily:</b>	<b>Taxonomy Note:</b>
<b>Tribe:</b>	<b>Species Reference:</b>
<b>Genus:</b> Metopium	<b>BIN:</b>
<b>Species:</b> Metopium brownei	<b>BIN Created Date:</b>
<b>Subspecies:</b>	
<b>Identification Method:</b>	
<b>Identifier Institution:</b> Universidad Nacional Autónoma de México	

## Collection Data

<b>Country:</b> Mexico	<b>Collector:</b> L Salinas-Peba
<b>Province/State:</b> Yucatan	<b>Date Collected:</b> 2014-07-07
<b>Region/County:</b> Hunucma	<b>Date Accuracy:</b>
<b>Sector:</b> Hunucma-Sisal	<b>Time Collected:</b>
Highway, towards Sisal	<b>Site Code:</b>
<b>Exact Site:</b>	<b>Habitat:</b> Low flood forest
<b>Lat/Lon:</b> 21.1036, -89.9821	<b>Sampling Protocol:</b>
<b>Elevation:</b> 4	<b>Coord. Source:</b>
<b>Elevation Accuracy:</b>	<b>Coord. Accuracy:</b>
<b>Depth:</b>	<b>Collection Date End:</b>
<b>Depth Accuracy:</b>	<b>Country ISO:</b> MX
<b>Collection Event ID:</b>	<b>Geo ID:</b> 388
<b>Collection Notes:</b>	

## Ecology Data

<b>Ecoregion:</b> Yucatan_dry_forests	<b>Realm:</b> Neotropic
<b>Biome:</b> Tropical_&Subtropical_Dry_Broadleaf_Forests, Mangroves_simplify-0.01_buffered-0.018	

## Map



Figura 24. Información depositada en **BOLD SYSTEMS** para *Metopium brownei* MEXU1474825.

Fotografía del espécimen, información taxonómica, detalles de la colecta, ecosistema y mapa localizando el sitio de procedencia.

# Sequence View for Process ID: AGMCV005-20

Specimen Details Current		Marker Summary				
Sample ID:	MEXU1474825	Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
Process ID:	AGMCV005-20	<a href="#">rbcl</a>	593	43.7%	0%	2
Project:	AGMCV	<a href="#">matK</a>	864	35.3%	0%	4
Tax Names:	Tracheophyta, Magnoliopsida, Sapindales, Anacardiaceae, Metopium, Metopium brownei	<a href="#">ITS2</a>	471	59.2%	0.2%	2
Taxon:	Metopium brownei					
Rank Name:	species					
Sampling Protocol:	N/A					
BIN URI:	N/A					
Kingdom:	Plantae					

**Figura 25. Resumen de la Información de los códigos de barras moleculares para *Metopium brownei* MEXU1474825.** Se muestran los detalles del ejemplar a la izquierda y los marcadores de los que se tiene información (*rbcl*, *matK* e *ITS2*) a la derecha, detallando la longitud de la secuencia, el %GC y el número de secuencias contempladas para cada uno.

### rbcl

**Illustrative Barcode**

**Nucleotide Sequence**

```
CACACAGAGCTAAGGCAAGTGTGGATTCAGAGCGGCGTTAAGGCTATGATTTGACTTATTATCTCTCTGACTATGTAAGCAAGGATCTGATATCTTGGCAGCATTCGAGTAACT
CCTCACCTGGAGTTCACCCGAGGAGAGCGGAGCTGCGGATCTCTCTCTGACTGATGTAAGCAAGGATCTGATATCTTGGCAGCATTCGAGTAACTGATATCTTGGCAGCATTCGAGTAACT
ATGCTACAGATTGAGCCCGCTGCTGAGAGGAGGATCATATATATGTTATGTAAGCTACCCCTTATGACCTTTTGAAGAGGATCTGATACATATGTTACTCCATTTGAGGTA
ATGATTTGGGATTCAGAGCCCTGCTGAGAGGATCTGCGGATTCACCCGCTATACAAAGCTTTTCCAGAGGATCTGATACATATGTTACTCCATTTGAGGTA
AACAAGTATGGAGCTCCCTATTTGGGATGACTATTAAGCTTAATGAGTTTCCGCTAAGAGACTACGGTAAAGCTGTTTATGTAAGCTACGTTGAGGCTTGAATCCATCAAGGA
```

**Amino Acid Sequence**

```
YFSGKALRALRLDLRPTAVYTKFQPPHGIQERKLNKYGRLPGLCTIKPKLGLSANKYGRGUYEYVINDLTVQR
```

**Sequence Metadata**

Genbank:	N/A
Accession:	
Translation Matrix:	Standard Code
Last Updated:	2021-08-02T23:38:32.810013
Sequence Runsite:	Macrogen, Korea

**Sequencing Date:** 2019-04-08T17:43:36

**Trace Direction:** F

**Forward Primer:** rbcl\_a\_f

**Reverse Primer:** rbclajf634R

**Sequence Primer:** rbcl\_a\_f

**Status:** low qual

**Trace Runsite:** Macrogen, Korea

---

**Sequencing Date:** 2019-04-08T19:41:44

**Trace Direction:** R

**Forward Primer:** rbcl\_a\_f

**Reverse Primer:** rbclajf634R

**Sequence Primer:** rbclajf634R

**Status:** high qual

**Trace Runsite:** Macrogen, Korea

**Figura 13. Código de barras molecular de *rbcl* para *Metopium brownei* MEXU1474825.** Se presenta el código de barras, las secuencias de nucleótidos y de aminoácidos y, los electroferogramas correspondientes.

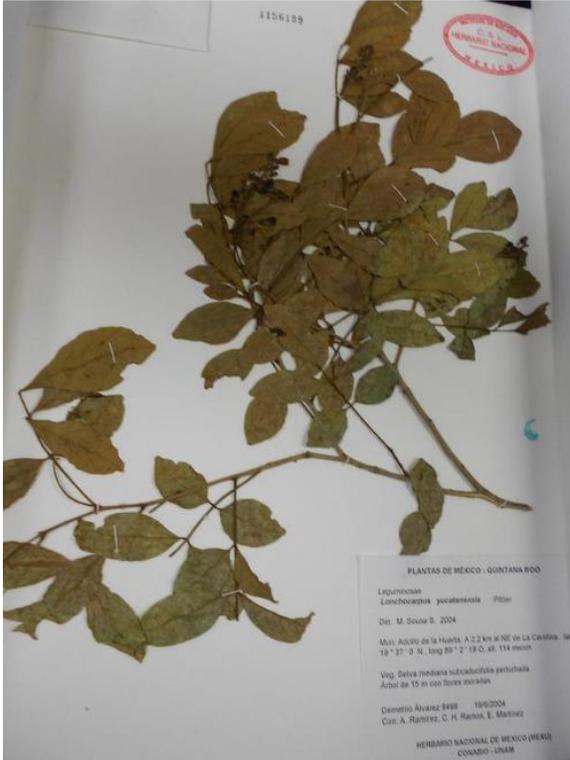


Figura 14. Código de barras molecular de *matK* para *Metopium brownei* MEXU1474825. Se presenta el código de barras, las secuencias de nucleótidos y de aminoácidos y, los electroferogramas correspondientes.



# Specimen Record Page: MEXU1156199

MEXU1156199



**Object ID:** caos-cloud.linode-us-east.13\_125.27aa84f7-ea36-4e31-b58b-c473474b6d20.jpg  
**Original Name:** AGMVC/MEXU-Lonchocarpus-yucatanensis+1583364908.jpg  
**Sample ID:** MEXU1156199  
**Meta:** Ventral



**Created:** 2023-02-16T22:21:26.412825  
**Last Updated:** 2023-03-21T15:55:29.889089  
**Catalognum:** MEXU1156199  
**External:**  
**Copyright License Holder:**  
**Copyright License Year:** 2019  
**Copyright License:** Copyleft  
**Copyright License Institution:** Universidad Nacional Autónoma de México  
**Copyright License Contact:** catavg\_qbp@yahoo.com.mx  
**Photographer:**  
**Measurement:**  
**Measurement Type:**

[Edit Specimen](#)

## Specimen Details

<b>Sample ID:</b> MEXU1156199	<b>Voucher Status:</b> Vouchered/Registered Collection
<b>Process ID:</b> AGMVC014-20	<b>Tissue Descriptor:</b>
<b>Project:</b> AGMVC	<b>Sex:</b>
<b>Institution Storing:</b> Universidad Nacional Autónoma de México	<b>Reproduction:</b> Tree
<b>Field ID:</b>	<b>Life Stage:</b>
<b>Museum ID:</b> MEXU1156199	<b>Extra Info:</b>
<b>Collection Code:</b> IBUNAM:MEXU:1156199	<b>Associated Taxa:</b>
<b>Reference Link:</b>	<b>Associated Specimens:</b>
<b>Note:</b>	

## Taxonomy

<b>Kingdom:</b> Plantae	<b>Identification:</b> Lonchocarpus yucatanensis
<b>Phylum:</b> Tracheophyta	<b>Tax ID:</b> 294563
<b>Class:</b> Magnoliopsida	<b>Rank:</b> species
<b>Order:</b> Fabales	<b>Identifier:</b>
<b>Family:</b> Fabaceae	<b>Identifier Email:</b>
<b>Subfamily:</b>	<b>Taxonomy Note:</b> Pittier
<b>Tribe:</b>	<b>Species Reference:</b> BIN
<b>Genus:</b> Lonchocarpus	<b>BIN Created Date:</b>
<b>Species:</b> Lonchocarpus yucatanensis	
<b>Subspecies:</b>	
<b>Identification Method:</b> Morphology	
<b>Identifier Institution:</b> Universidad Nacional Autónoma de México	

## Collection Data

<b>Country:</b> Mexico	<b>Collector:</b> D. Alvarez
<b>Province/State:</b> Quintana Roo	<b>Date Collected:</b> 2004-06-19
<b>Region/Country:</b> Adolfo de la Huerta	<b>Date Accuracy:</b>
<b>Sector:</b> 2.2 km northeast of La Carolina	<b>Time Collected:</b>
<b>Exact Site:</b>	<b>Site Code:</b>
<b>Lat/Lon:</b> 19.6167, -89.0386	<b>Habitat:</b> Medium deciduous forest
<b>Elevation:</b> 114	<b>Sampling Protocol:</b>
<b>Elevation Accuracy:</b>	<b>Coord. Source:</b>
<b>Depth:</b>	<b>Coord. Accuracy:</b>
<b>Depth Accuracy:</b>	<b>Collection Date End:</b>
<b>Collection Event ID:</b>	<b>Country ISO:</b> MX
<b>Collection Notes:</b>	<b>Geo ID:</b> 788

## Ecology Data

<b>Ecoregion:</b> Yucatan_moist_forests	<b>Realm:</b> Neotropic
<b>Biome:</b> Tropical_&Subtropical_Moist_Broadleaf_Forest	

## Map

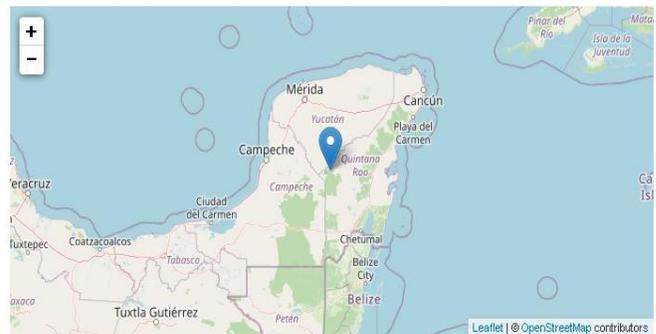
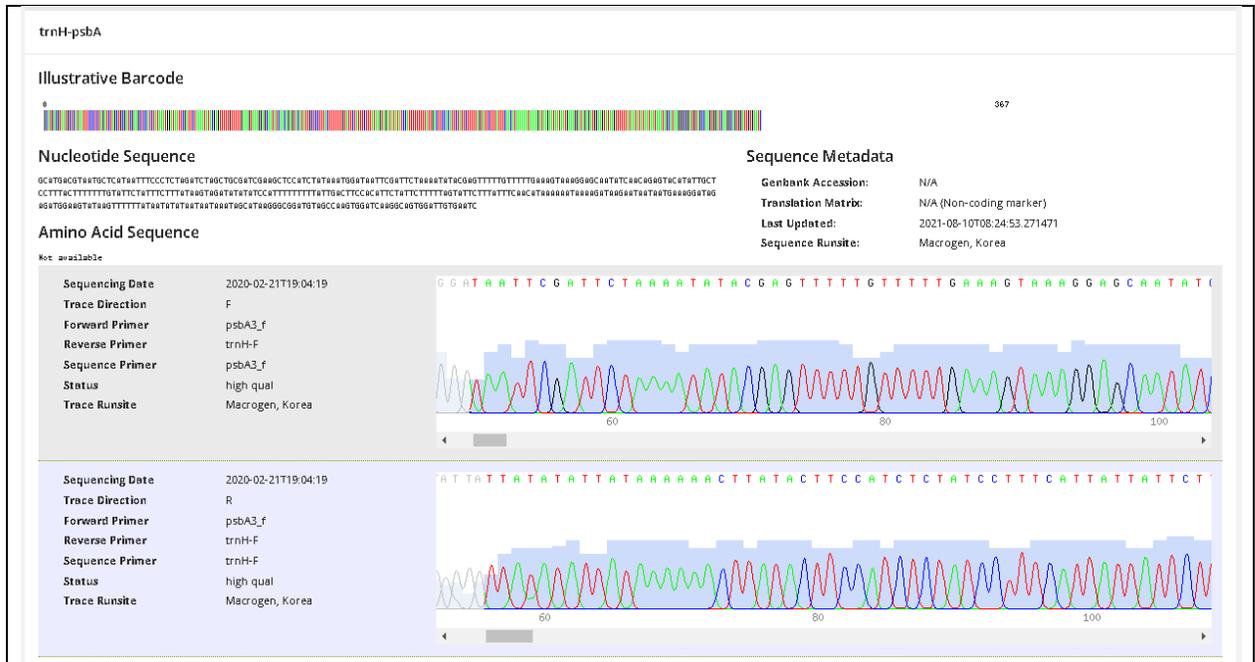


Figura 1626. Información depositada en **BOLD SYSTEMS** para *Lonchocarpus yucatanensis* MEXU1156199. Fotografía del espécimen, información taxonómica, detalles de la colecta, ecosistema y mapa localizando el sitio de procedencia.







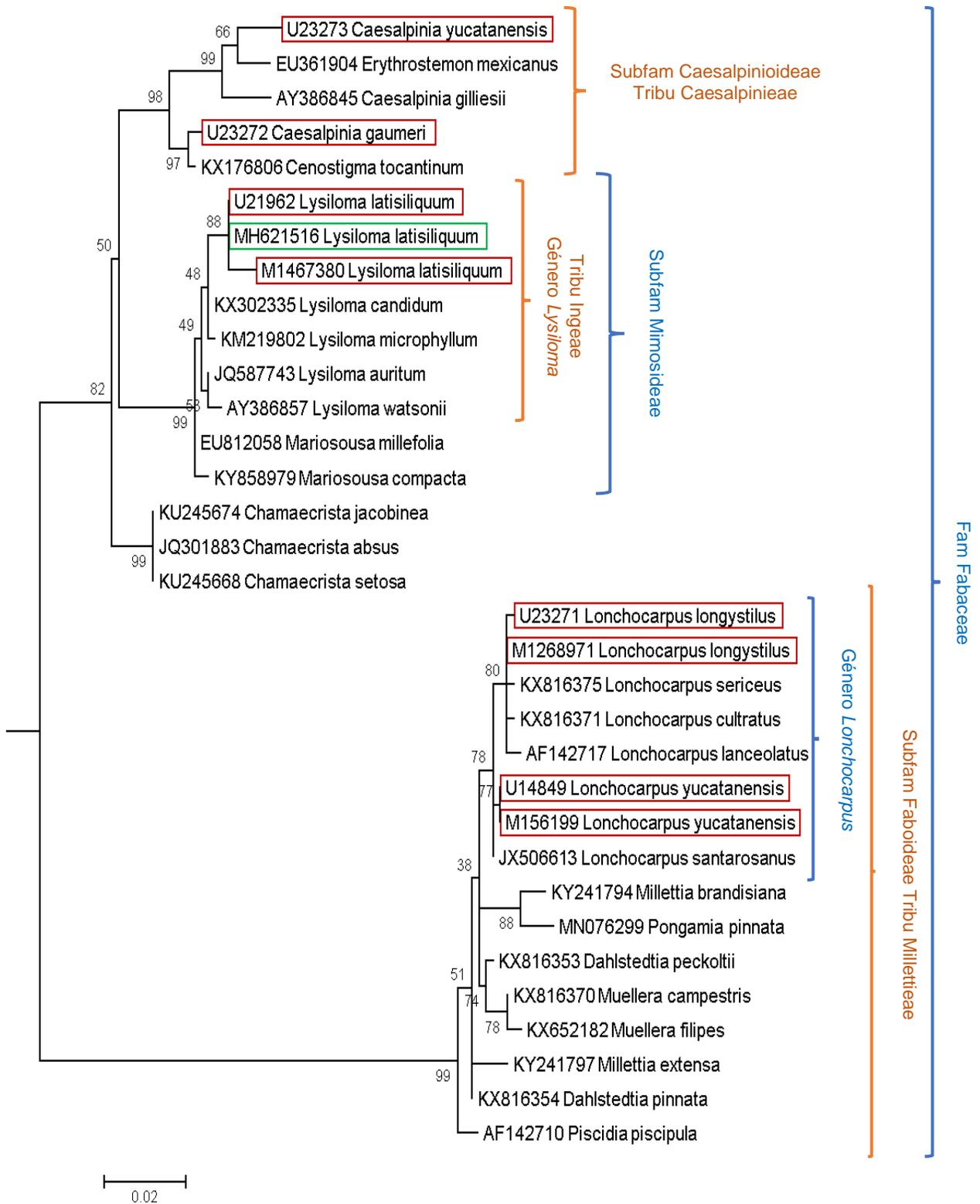
**Figura 21. Código de barras molecular de *trnH-psbA* para *Lonchocarpus yucatanensis* MEXU1156199.** Se presenta el código de barras, las secuencias de nucleótidos y, los electroferogramas correspondientes. No se presenta secuencia de aminoácidos porque es un marcador molecular que no codifica a proteína, se trata de un espaciador intergénico.

#### 6.4 Capacidad discriminativa de los marcadores moleculares

Las secuencias generadas se analizaron primeramente mediante un BLAST (anexo 4) y se seleccionaron algunas secuencias de taxones emparentados en mayor y menor grado. Después se realizó el análisis en relación a cada uno de los marcadores moleculares mediante la creación de árboles filogenéticos o dendogramas que consisten en un alineamiento múltiple que permite el agrupamiento jerárquico de las secuencias analizadas dentro de diferentes grupos. Esta metodología no se considera estrictamente como un método filogenético, sino que, es un método de identificación simple (Casiraghi *et al.*, 2010, Sandionigi *et al.*, 2012). Como se mencionó anteriormente, son pocas las secuencias publicadas en las bases de datos contra las cuales comparar para lograr la identificación a nivel de especie. Sin embargo, el análisis se hizo con el fin de determinar si las secuencias formarían clados consistentes con especies cercanas.

Existen diferentes enfoques para la creación de los dendogramas, los principales son: la unión de vecinos (NJ: *Neighbor-Joining*), la parsimonia máxima y la inferencia bayesiana. NJ es un método basado en el criterio de evolución mínima, no toma en cuenta la relación ancestro-descendiente y permite el análisis de alta velocidad para grandes conjuntos de datos. Por lo tanto, el árbol que se obtiene usando NJ es una representación del grado de similitud de las secuencias (Sandionigi *et al.*, 2012). NJ seguido de la corrección de los parámetros Kimura 2 (K2P) es el método más utilizado en el análisis de código de barras de DNA publicado en la literatura, y ahora se incluye en el paquete de análisis estándar del sistema BOLD (Ratnasingham & Hebert, 2007). El análisis de las secuencias de interés se realizó considerando estos parámetros en los programas bioinformáticos *ClustalW* y *MEGA6*.

Se generó un dendograma general para cada marcador contemplando todas las secuencias de interés y emparentadas y, posteriormente se hicieron ampliaciones de diferentes nodos con el fin de lograr una mejor visualización. Un ejemplo de esto lo podemos apreciar en la figura 22 correspondiente al marcador molecular *matK*, en donde se presentan las especies de interés pertenecientes a la familia Fabaceae y se observa un clado bien definido para la especie *Lysiloma latisiliquum* conformado por las dos secuencias generadas en el proyecto más la publicada por Trotta y colaboradores (2018). En el caso de *Caesalpinia yucatanensis* y *Caesalpinia gaumeri*, se agruparon con otras especies de la misma tribu. Cabe señalar que éste grupo ha causado polémica en años recientes ya que varias especies han sido reasignadas dentro de otros géneros como *Erythrostemon*, *Cenostigma* y *Poincianella*, por lo que es natural encontrarlas estrechamente relacionadas (Duno y Cetzal-Ix, 2020). Por otro lado, *Lonchocarpus longystilus* y *Lonchocarpus yucatanensis* se agruparon en un clado conformado por otras especies del mismo género.



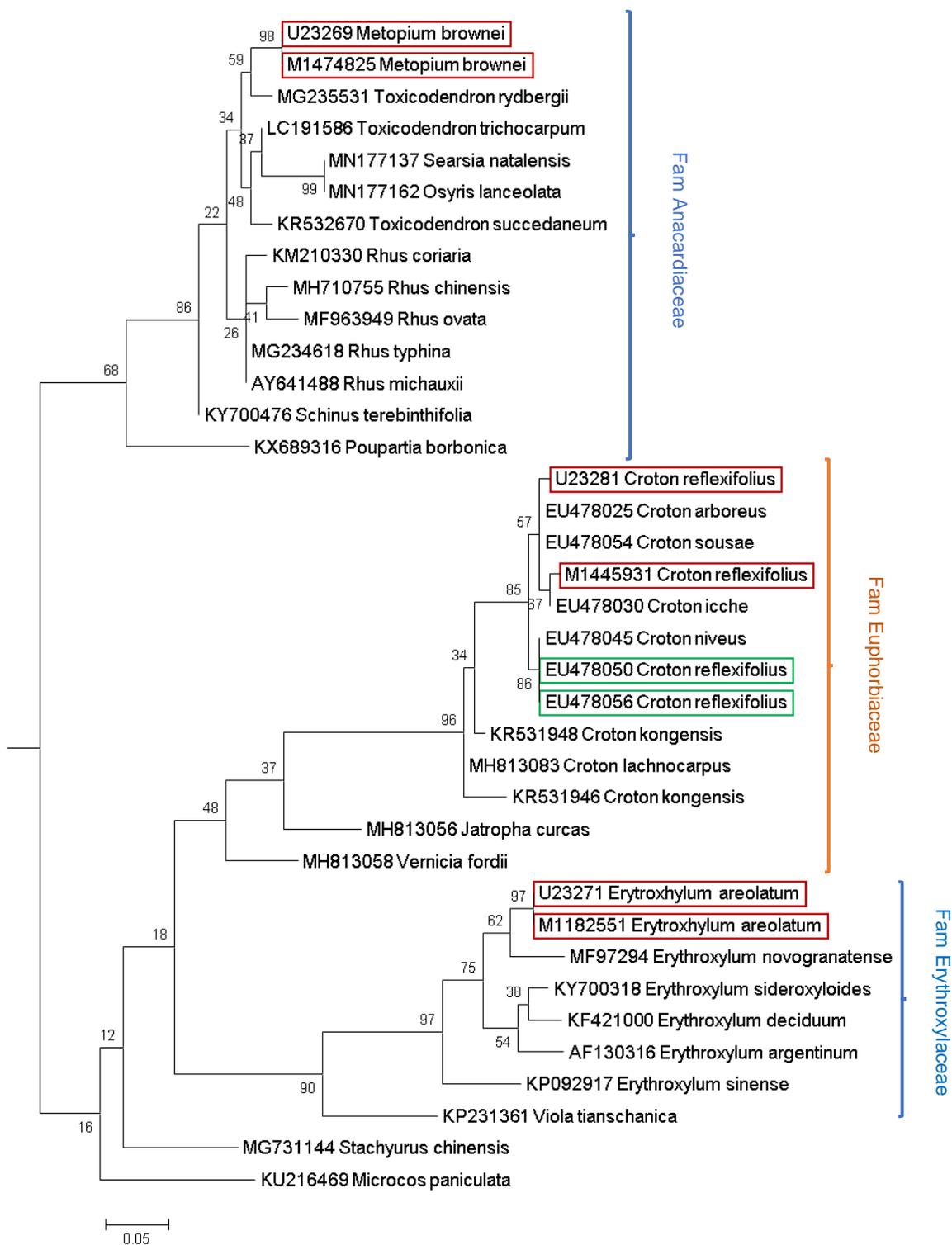
**Figura 22. Identificación basada en el marcador *matK* de las especies pertenecientes a la familia Fabaceae.** Ampliación del dendograma 2.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.02. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.

En los casos en los que no existen secuencias contra las cuales comparar, se argumentó la capacidad discriminativa hasta especie cuando las las secuencias se observaron en un clado definido e independiente, como se muestra con relación al marcador *ITS2* en la figura 23 para *Metopium brownei* y *Erytroxylum areolatum* mientras que las secuencias de *Croton reflexifolius* se encontraron dispersas con otras del mismo género. Un dato curioso es que *Metopium brownei* está emparentado con especies del género *Toxicodendron* y, al igual que ellas, produce una resina tóxica llamada urushiol que causa irritación de piel y mucosas (Cabezas-Savariego, 2018). La inferencia de posibles características fisicoquímicas con base en la caracterización molecular de las plantas es una de las posibles aplicaciones para los códigos de barras moleculares, por ejemplo en estudios sobre plantas medicinales.

Todos los dendogramas correspondientes a los cuatro marcadores utilizados se encuentran en el anexo 5. El marcador *rbcL* fue útil para resolver a nivel de familia para *L. latisiliquum*, *C. yucatanensis*, *C. gaumeri*, *A. yucatanensis*, *L. longistylus*, *L. yucatanensis*, *M. brownei* y *T. radiata*; hasta género para *E. areolatum*, *C. reflexifolius*, *T. paucidentata* y *C. dodecandra*, pero insuficiente para hacerlo a nivel de especie. Esto se debe a que las secuencias del marcador *rbcL* evolucionan lentamente y este locus presenta la divergencia más baja de genes de plastidios en plantas con flores (Kress *et al.*, 2005)

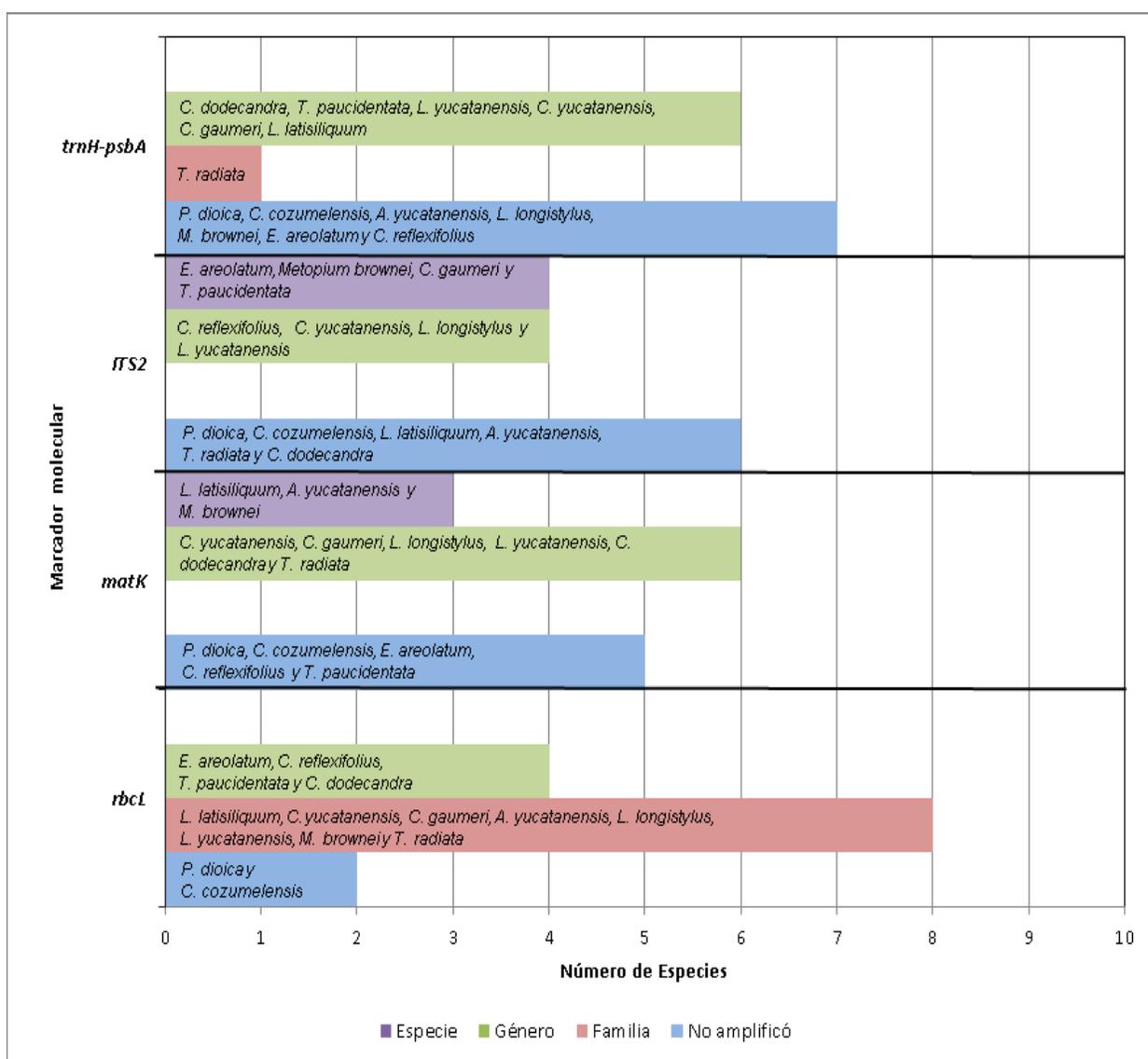
Por su parte, el análisis de las secuencias correspondientes al marcador *trnH-psbA* se limitó a nivel de género para *C. dodecandra*, *T. paucidentata*, *L. yucatanensis*, *C. yucatanensis*, *C. gaumeri*, *L. latisiliquum* e inclusive hasta familia en el caso de *Thrinax radiata*. Existen reportes que afirman que el uso de este marcador es limitado en la reconstrucción filogenética a nivel de especie debido a la corta longitud y la dificultad de las alineaciones resultantes de un alto número de indeles (Kress *et al.*, 2005). Por otro lado, el marcador *matK* logró resolver hasta género para *C. yucatanensis*, *C. gaumeri*, *L. longistylus*, *L. yucatanensis*, *C. dodecandra* y *T. radiata* y, a nivel de especie para *L. latisiliquum*, *A. yucatanensis* y *M. brownei*.

Finalmente, el marcador *ITS2* resolvió a nivel de género para *C. reflexifolius*, *C. yucatanensis*, *L. longistylus* y *L. yucatanensis*; hasta especie para *E. areolatum*, *M. brownei*, *C. gaumeri* y *T. paucidentata*. Autores como Yao *et al.* (2010) y Chen *et.al.* (2010) han señalado que la longitud de *ITS2* (~450pb), menor que la de *rbcL* y *matK*, es lo suficientemente corta como para permitir la amplificación de DNA degradado. Aunado a lo anterior, existen múltiples copias de *ITS* (que contienen *ITS1* e *ITS2*) en las plantas, lo que facilita su amplificación por PCR, incluso de muestras secas.



**Figura 23. Identificación basada en el marcador *ITS2* de las especies pertenecientes a las familias Anacardiaceae, Euphorbiaceae y Erythroxylaceae.** Ampliación del dendograma 3.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.05. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.

En general, las secuencias obtenidas se aprecian estrechamente relacionadas con especies emparentadas a diferentes niveles de resolución. Conforme la base de datos logre hacerse más robusta, la identificación tendrá mayor exactitud. En la figura 24 se resume la capacidad discriminativa de los marcadores tomando en consideración el nivel resolutivo mostrado en los dendogramas para cada especie en particular. Asimismo, se pone de manifiesto que no todos los marcadores moleculares presentan la misma utilidad para todas las plantas. Por ejemplo, *E. areolatum* y *T. paucidentata* que no amplificaron con el marcador *matK*, lograron resolverse con el marcador *ITS2* hasta especie. Caso contrario, *L. latisiliquum* y *A. yucatanensis* que no amplificaron con el marcador *ITS2*, se identificaron hasta especie con el marcador *matK*.



**Figura 24. Capacidad discriminativa de los marcadores moleculares.** Los marcadores *rbcL*, *matK*, *ITS2* y *trnH-psbA* presentaron diferente capacidad discriminativa. Para cada caso, se señalan las especies que se lograron identificar con relación al nivel de resolución observado en los dendogramas.

Una alternativa que CBOL (2009) señala para lograr una mejor resolución es utilizar dos marcadores de manera conjunta, por ejemplo *rbcL* y *matK*, bajo la premisa de que al considerar un mayor número de pares de bases las variaciones resultaran más significativas. El análisis concatenado de las secuencias ha sido evidenciado como una estrategia útil para la diferenciación a nivel de especie (Chase *et al.*, 2007; Gonzalez *et al.*, 2009; Lima *et al.*, 2018). No obstante, otros estudios sustentan que esta alternativa tampoco es la idónea para la identificación universal de plantas (Li *et al.*, 2015) ya que para cada especie o al menos para cada familia, algún concatenado puede resultar de mayor utilidad que los demás al presentar una especificidad mayor.

En este estudio se hicieron análisis con diferentes combinaciones de marcadores concatenados, sin embargo, debido a la poca disponibilidad de secuencias en las bases de datos, no hubo una mejora en la resolución, puesto que al no haber contra qué comparar, no se encontró diferencia significativa en los resultados. Es decir, el marcador con mayor capacidad discriminativa en relación con la disponibilidad de secuencias reportadas de taxones cercanos fue el que definió la identificación y los dendogramas generados fueron consistentes a los reportados en este estudio. Valdría la pena repetir este ejercicio cuando las bases de datos dispongan de más información.

## 7. CONCLUSIONES

- Se generaron 58 códigos de barras moleculares inéditos correspondientes a 12 especies florales endémicas de la península de Yucatán: *Erythroxylum areolatum*, *Croton reflexifolius*, *Lysiloma latisiliquum*, *Caesalpinia yucatanensis*, *Caesalpinia gaumeri*, *Lonchocarpus longistylus*, *Lonchocarpus yucatanensis*, *Alseis yucatanensis*, *Metopium brownei*, *Thouinia paucidentata*, *Cordia dodecandra* y *Thrinax radiata*. La información de todos los ejemplares y los códigos de barras se incorporó a la base de datos de la vida (*BOLD SYSTEMS*)
- Los códigos de barras moleculares generados demostraron ser útiles para caracterizar a nivel molecular los especímenes con distintos niveles de resolución, mostrando un parentesco coherente y estrecho con las secuencias de taxa emparentadas. El marcador *rbcL* tuvo la mayor eficiencia de amplificación y mostró una capacidad discriminativa a nivel de género para 8 especies y hasta familia en las 4 restantes. El marcador *matK* logró resolver a nivel de familia para 6 especies, hasta especie para 3 más y no logró amplificarse en 2 casos. El marcador *ITS2* exhibió una capacidad discriminativa hasta género para 4 especies, hasta especie en 4 casos y no logró amplificarse para los 4 restantes. Finalmente, para el marcador *trnH-psbA*, si bien amplificó con facilidad para las 12 plantas, la mayoría de las secuencias fueron inespecíficas y sólo logro resolver hasta familia en 2 casos y nivel de género para otras 5 especies. La información generada es la base para las aplicaciones que se deriven tomando en consideración que no existe un estándar de oro y no todos los marcadores logran amplificarse para todas las especies.

## 8. PERSPECTIVAS

El enriquecimiento de las bases de datos con secuencias fiables de los marcadores moleculares de plantas es uno de los mayores desafíos para la próxima década. Todas las aplicaciones subsecuentes dependen de ello. Es necesario centrar esfuerzos para generar las secuencias correspondientes a los marcadores *rbcL*, *matK*, *ITS* y *trnH-psbA* de un número significativo de especies de plantas nativas e integrar la información a BOLD SYSTEMS. Los códigos de barras moleculares generados en este estudio aún no son suficientes si se consideran las 2,400 especies identificadas en la región de la Península de Yucatán.

Se sugiere probar con métodos alternativos para trabajar con plantas que por su naturaleza química presentan mayores retos para obtener DNA de calidad. Por ejemplo, se recomienda el uso del protocolo empleando fenol/cloroformo para la extracción. De acuerdo con Guzmán-Rodríguez y colaboradores (2018), este método garantiza un rendimiento adecuado y pureza del DNA obtenido, visto como la relación  $A_{260/280}$  en un intervalo de 1.96 a 2.00 y la relación  $A_{260/230}$  en un intervalo de 1.75 a 2.44. La importancia de tomar en consideración la relación de  $A_{260/230}$  nm se destaca para descartar la presencia de polisacáridos y polifenoles que puedan inhibir la acción de la *Taq* polimerasa durante el proceso de amplificación por PCR. Otra recomendación es pulverizar las muestras de manera mecánica en el equipo *TissueLyser* en lugar de hacerlo manual con el mortero, lo que favorecerá la obtención de un polvo más fino y ahorro de tiempo en el procedimiento. Cabe mencionar que no es necesario esperar a que las muestras estén secas, éstas se pueden sumergir en nitrógeno líquido previo a la pulverización.

Posterior a ello y, una vez que la base de datos disponga de las secuencias de interés, los códigos de barras moleculares pueden utilizarse en la identificación de especies como una estrategia para abordar la conservación de la biodiversidad, mediante el monitoreo preciso y rápido antes y después de implementar acciones de conservación, y al proporcionar datos, eso ayudará en las estimaciones de la diversidad filogenética para establecer prioridades de conservación (Kress, 2017). También se pueden utilizar en la autenticación de plantas medicinales, para respaldar la seguridad alimentaria y la autenticidad del etiquetado mediante la confirmación de la identidad o la pureza de los productos (Li *et al.*, 2015). Se plantea que se puede desarrollar una qPCR específica para mieles monoflorales (45% de dominancia en algún tipo de polen), como miel de Tahonal por ejemplo.

Finalmente, se propone caracterizar por estrategias moleculares vs palinológicas mieles de la región. Para ello, se pueden utilizar los marcadores de manera independiente. Por ejemplo, Bruni y colaboradores (2015) sugirieron usar 2 marcadores, ya que *rbcL* por sí solo no pudo distinguir entre plantas de especies emparentadas. Sin embargo, *trnH-psbA* permitió la identificación de la mayoría de las muestras de polen a nivel de especie. Otro ejemplo son Galimberti y colaboradores (2014) quienes también utilizaron *rbcL* y *trnH-psbA* y tras identificar 39 especies de plantas en muestras de miel, pudieron sugerir la identidad geográfica de estos productos gracias a la presencia del polen de una planta endémica de la región Alpes del norte de Italia. Otra alternativa es emplear una aplicación derivada de los códigos de barras moleculares que en años recientes ha cobrado auge y se denomina *metabarcoding*. Esta técnica requiere de marcadores genéticos cortos y únicos que se emplean para la identificación en muestras mixtas (Kress, 2017). Cada autor opta por diferentes marcadores, Richardson y colaboradores (2015), usaron *ITS2* y lograron identificar 19 familias de plantas contra 8 familias identificadas mediante microscopía.

Hasta hace unos años se consideraba que los marcadores de plástidos no eran una buena opción para trabajarlos sobre polen, ya que los cloroplastos en angiospermas se heredan por vía materna y se ven reducidos en la línea germinal masculina del grano de polen en muchos taxones agricultura (Bell *et al.*, 2016). Sin embargo, varios estudios han demostrado la viabilidad de estos marcadores (Galimberti *et al.*, 2014; Hawkins *et al.*, 2015; Richardson *et al.*, 2015). Hoy en día se sabe que el número de copias de ptADN en el polen varía entre especies, aunque el grado de variación aún es poco conocido y, en este sentido, los recuentos de polen de varias especies a partir de muestras mixtas se ven mermados. Ante este problema se sugirió que *ITS2* podría ser la mejor alternativa pero también presenta limitantes en términos de cuantificación, ya que el número de copias está relacionado tanto con la ploidía como con el número de copias del DNA ribosómico en el genoma nuclear, que puede ser altamente variable entre especies, entre individuos de la misma especie, e incluso se ha registrado variación dentro de individuos debido a mutaciones somáticas (Bell *et al.*, 2016). Otra consideración al utilizar el marcador *ITS2* es el potencial de coamplificar DNA fúngico (Cheng *et al.* 2016).

Para finalizar, cabe resaltar que el uso de esta tecnología sobre el polen no se limita a la calidad de las mieles, también se podrían abordar cuestiones de biología de la polinización, cambio climático, especies invasoras, conservación de plantas y agricultura (Bell *et al.*, 2016).

## 9. ANEXO 1. PLANTAS MELÍFERAS



**Nombre:** *Caesalpinia yucatanensis*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Fabales

**Familia:** Fabaceae

**Nombre maya:** Taa k'in che'

**Distribución general:** Centroamérica hasta Honduras

**Distribución en México:** Chiapas, Michoacán, Tabasco, Campeche, Quintana Roo y Yucatán.

**Hábitat:** Selva mediana subperennifolia, vegetación secundaria y selva baja caducifolia.

**Descripción:** Árbol o arbusto de hasta 10 m. Es relevante en construcción y maderable, de importancia melífera también.



**Nombre:** *Caesalpinia gaumeri*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Fabales

**Familia:** Fabaceae

**Nombre maya:** Kitim che'

**Sinónimos:** *Poincianella gaumeri*,  
*Cenostigma gaumeri*

**Distribución general:** Centroamérica (Belice), Las Antillas (Cuba) y Sur de México.

**Distribución en México:** Oaxaca, Tabasco, Campeche, Quintana Roo y Yucatán.

**Hábitat:** Selva baja caducifolia, selva mediana caducifolia, selva mediana subperennifolia y selva alta subperennifolia.

**Descripción:** Árbol de copa irregular que crece hasta 10 m de altura y de flores amarillas en racimos. Es apreciado en la apicultura como productor de polen, su madera se utiliza para construcciones rurales y cercas de potreros. También se emplea en medicina tradicional.



**Nombre:** *Cordia dodecandra*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Boraginales

**Familia:** Boraginaceae

**Nombre maya:** Chak k'oopte', k'an k'oopte'

**Nombre común:** Ciricote, anacahuita

**Distribución general:** Centroamérica hasta Honduras y Cuba.

**Distribución en México:** Chiapas, Oaxaca, Tabasco, Veracruz, Campeche, Tabasco y Yucatán.

**Hábitat:** Selva mediana subperennifolia, selva mediana subcaducifolia, selva baja caducifolia, vegetación secundaria.

**Descripción:** Árbol mediano de 8 a 12 m de altura y tronco derecho. Flores con pétalos anaranjado-rojizos. La madera es de gran utilidad por su dureza, durabilidad y veteado; se emplea en muebles y artesanías. También es muy apreciado por poseer frutos comestibles en almíbar. Se le atribuyen usos medicinales como remedio para la tos, catarro y escalofríos.



**Nombre:** *Erythroxylum areolatum*  
(CICY, 2023; Enciclovida, 2023)

**Orden:** Malpighiales

**Familia:** Erythroxylaceae

**Nombre común:** Cocaína falsa, secoya, palo de hierro, arabo carbonero, limoncillo.

**Distribución general:** Las Bahamas, las Antillas Mayores, las Islas Caimán, el sur de México y América Central.

**Distribución en México:** Chiapas, Jalisco, Nayarit, Oaxaca, Veracruz, Quintana Roo, Campeche, Yucatán.

**Hábitat:** Selva mediana subperennifolia, selva mediana subcaducifolia, selva baja inundable, selva baja caducifolia.

**Descripción:** Es un arbusto caducifolio o árbol pequeño de 2 a 7 m de altura y de 5 a 15 cm de diámetro del tallo con pequeñas flores blancas. Protege el suelo y proporciona alimento y cobertura para la vida silvestre. La madera es pesada, dura, de grano fino, duradera y fuerte. Es útil para estacas, combustible, tallado y tornería.



**Nombre:** *Alseis yucatanensis*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Gentianales

**Familia:** Rubiaceae

**Nombre maya:** Ja'as che', k'uuts che'

**Nombre común:** Manzanillo,  
papelillo, tabaquillo.

**Distribución general:** Sur de México,  
Belice y Guatemala.

**Distribución en México:** Chiapas, Tabasco, Quintana Roo, Campeche, Yucatán.

**Hábitat:** Selva mediana subcaducifolia, selva mediana subperennifolia.

**Descripción:** Es un árbol cuya madera se asemeja mucho a la madera comercial venezolana para cajas, por su textura fina y resistencia a la flexión mayor al arce. Se usa localmente en forma de rollizo y cuarterones cortados con hacha para vigas, umbrales y zócalos en las casas.



**Nombre:** *Lonchocarpus yucatanensis*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Fabales

**Familia:** Fabaceae

**Nombre maya:** ya'ax xu'ul,

**Nombre común:** Xu'ul de montaña,  
jaabin de agua.

**Distribución general:** Centroamérica (Guatemala) y endémica de la Península de Yucatán.

**Distribución en México:** Campeche, Yucatán y Quintana Roo.

**Hábitat:** Selva baja subcaducifolia, selva mediana subcaducifolia selva mediana subperennifolia.

**Descripción:** Planta arbórea endémica, maderable, melífera y medicinal.



**Nombre:** *Lonchocarpus longistylus*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Fabales

**Familia:** Fabaceae

**Nombre maya:** Balché

**Nombre común:** Sakiab, palo de patlaches

**Sinonimos:** *Lonchocarpus punctatus* Kunth

**Distribución general:** Sureste de México hasta la región del Petén en Guatemala

**Distribución en México:** Chiapas, Quintana Roo, Campeche y Yucatán.

**Hábitat:** Selvas subcaducifolias y subperennifolias

**Descripción:** Árbol de hasta 10 m de altura, con follaje denso y redondeado, flores color lila muy llamativas y dispuestas en racimo. El té obtenido de la infusión de las hojas se utiliza en la medicina tradicional para tratar la tos y para la limpieza de heridas infectadas. El licor de balché tiene cierto efecto laxante. El licor de balché es empleado en rituales medicinales y es de purificación espiritual, también se ofrenda a los dioses.



**Nombre:** *Croton reflexifolius*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Euphorbiaceae

**Tribu:** Crotonae

**Nombre maya:** Perexcutz

**Nombre común:** Palo santo, quina, cascarillo.

**Sinónimos:** *Croton sylvaticus*

**Distribución general:** Centroamérica, Costa Rica, El Salvador y México.

**Distribución en México:** Chiapas, Guerrero, Hidalgo, Jalisco, Nayarit, Oaxaca, Puebla, San Luis Potosí, Tabasco, Tamaulipas, Veracruz, Campeche, Quintana Roo y Yucatán.

**Hábitat:** Matorrales secos o húmedos, bosque, llanuras o laderas, a veces en piedra caliza, en elevaciones de hasta 1,500 metros.

**Descripción:** Es un arbusto o árbol pequeño, que crece comúnmente de 2 a 8 m de altura. Se le atribuye uso medicinal local en el tratamiento de la malaria. Las hojas son antiinflamatorias, febrífugas y tónicas. La corteza se usa para aromatizar algunas bebidas alcohólicas. La planta se usa a menudo como seto para proteger los cafetales en América Central.



**Nombre:** *Thrinax radiata*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Arecales  
**Familia:** Palmae  
**Nombre maya:** Chit  
**Nombre común:** Palma

**Distribución general:** Habita en zonas costeras arenosas en México, Cuba, la Florida, Bahamas, Jamaica, Belice Honduras y las Islas Caimán.

**Distribución en México:** Es la única especie del género en México, la cual sólo se localiza solo en península de Yucatán, particularmente en los estados de Quintana Roo y Yucatán.

**Hábitat:** Selvas subperennifolias y subcaducifolias, matorral de dunas costeras y manglares.

**Descripción:** Palma hasta de 7 m de altura, de tronco recto y delgado con hojas en forma de abanico, las flores se dan en inflorescencias cortas y gran cantidad de pequeñas flores de color crema. Las hojas son usadas para la fabricación de escobas y para construcciones de palapas.



**Nombre:** *Coccoloba cozumelensis*  
(CICY, 2023; Enciclovida, 2023)

**Orden:** Caryophyllales  
**Familia:** Polygonaceae  
**Nombre común:** Uvero, cola de armadillo, boob ch'iich', sak boob.

**Distribución general:** Belice, Guatemala y Nicaragua.

**Distribución en México:** Campeche, Chiapas, Guerrero, Quintana Roo, Tabasco, Veracruz y Yucatán

**Hábitat:** Selva alta perennifolia, selva mediana subperennifolia, selva baja inundable, selva baja caducifolia, vegetación secundaria, Petén.

**Descripción:** Es un arbusto o árbol pequeño de 2 a 10 m de altura. Maderable, ornamental, para dar sombra, melífera, para la construcción de casas típicas.



**Nombre:** *Lysiloma latisiliquum*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Fabales

**Familia:** Fabaceae

**Nombre maya:** Tsalam

**Nombre común:** Abey

**Sinónimos:** *Mimosa latisiliqua* L.,  
*Lysiloma bahamensis* Benth

**Distribución general:** Sureste de Estados Unidos de Norteamérica (Florida), Las Antillas, Las Bahamas, el Caribe, sur de México, Belice y Guatemala.

**Distribución en México:** Chiapas, Quintana Roo, Campeche, Yucatán.

**Hábitat:** Selva baja caducifolia, sabana, selva mediana subcaducifolia, selva mediana subperennifolia, vegetación secundaria (bordes ca mino, campos de cultivo).

**Descripción:** Es un árbol que alcanza una altura de 25 a 30 m. Es una especie pionera que ocupa sitios que han sido incendiados y cumple la función de enriquecer la tierra con nitrógeno. Se emplea como árbol forrajero y su madera es muy estimada por los ebanistas y carpinteros. Posee valor ritual mágico entre los mayas, medicinal y curtiente. Se usa para la preparación de un guiso con un proceso de cocción denominado “pib”.



**Nombre:** *Metopium brownei*  
(CICY, 2023; Wikipedia, 2023)

**Orden:** Sapindales

**Familia:** Anacardiaceae

**Nombre maya:** Boxcheché,  
Kabal-chechen

**Nombre común:** Chechén negro,  
palo de rosa

**Sinónimos:** *Rhus metopium* L

**Distribución general:** Centroamérica (Belice y Guatemala), Las Antillas y México.

**Distribución en México:** Chiapas, Tabasco, Veracruz, Campeche, Quintana Roo, Yucatán.

**Hábitat:** Duna costera, selva baja caducifolia, selva mediana subcaducifolia, selva mediana subperennifolia, selva alta perennifolia.

**Descripción:** Es un árbol que mide entre 12 y 20 m de altura cuyo tronco recto posee un diámetro de 60 cm y la forma de su copa es muy irregular. Produce sabia tóxica compuesta por urushiol que es irritante y puede producir dermatitis por contacto en la piel. Su madera es apreciada para consumo local, su polen es muy buscado por las abejas melíferas. A su resina se le atribuyen propiedades diaforéticas y sedantes, su causticidad le permite hasta quemar verrugas. También tiene propiedades insecticidas.



**Nombre:** *Pimenta dioica*  
(CICY, 2023; Enciclovida, 2023)

**Orden:** Caryophyllales

**Familia:** Myrtaceae

**Nombre común:** pimienta de Tabasco, pimienta gorda, pimienta dulce. boox pool, nukuch pool (maya).

**Distribución general:** Sur de EUA, Las Antillas (Cuba y Jamaica) y Centroamérica. (Guatemala)

**Distribución en México:** San Luis Potosí, Hidalgo, Querétaro, Veracruz, Puebla, Oaxaca, Tabasco, Chiapas. Campeche, Quintana Roo, Yucatán.

**Hábitat:** Selva mediana subperennifolia, selva mediana subcaducifolia.

**Descripción:** Es un árbol de entre 7 y 10 m de altura, las hojas poseen un olor aromático y fresco que recuerdan al eucalipto o a la mirra. Se aprovechan sus frutos secos como condimento en diversos platillos y se puede combinar fácilmente con otras especias. Esta especie de pimienta no contiene piperina, por lo cual no posee sabor picante. Se le reconoce por su uso medicinal como analgésico y para el alivio de malestares gastrointestinales.

## ANEXO 2. EJEMPLARES DE HERBARIO

### *Erythroxylum areolatum* L.

**Reino:** Plantae  
**Phylum o división:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Malpighiales  
**Familia:** Erythroxylaceae

Instituto de Biología: Herbario Nacional  
**MEXU**  
 IBUNAM:MEXU:1182551

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín**  
 No. de catálogo: 23271



**Determinador (es):** C. H. Ramos  
**Fecha de determinación:** 2005  
**Colector (es):** D. Álvarez, A. Ramírez, C. H. Ramos y E. Martínez  
**Fecha de colecta:** 2004-09-03  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Quintana Roo  
**Municipio:** José María Morelos  
**Localidad:** A 3.66 Km al sureste de Sabana San Francisco  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 19.52083°, **Longitud:** -89.06083°  
**Altitud (m):** 90

**Determinador (es):** J. J. Ortíz-Díaz  
**Fecha de determinación:** 2019  
**Colector (es):** J. J. Ortíz-Díaz, J. Tun  
**Fecha de colecta:** 2019-09-18  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Municipio:** Tekax  
**Localidad:** Carr. Alfonso Caso-Becanchén Km 22  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 19.945711°, **Longitud:** -89.181114°  
**Altitud (m):** 90

***Lysiloma latisiliquum* (L.) Benth.**

**Reino:** Plantae  
**Phylum o división:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Fabales  
**Familia:** Fabaceae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU  
IBUNAM:MEXU:1467380**

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
No. de catálogo: 21962**



**Determinador (es):** G. Ibarra-Manríquez  
**Fecha de determinación:** 2015  
**Colector (es):** G. Ibarra-Manríquez, G. Cornejo-Tenorio, F. J. Rendón-Sandoval.  
**Fecha de colecta:** 2015-10-19  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Municipio:** Mérida  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 21.09778°, **Longitud:** -89.5892°  
**Altitud (m):** 7

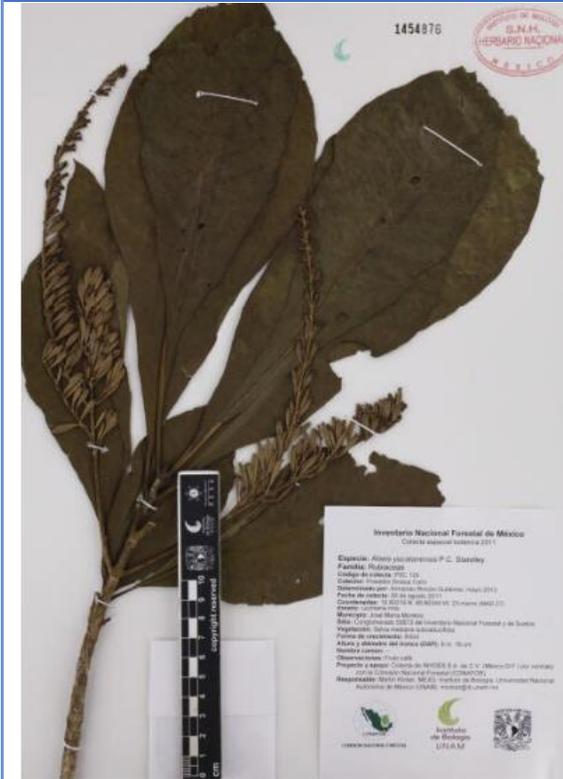
**Determinador (es):** C. Albor  
**Fecha de determinación:** 2015  
**Colector (es):** R. Hernández  
**Fecha de colecta:** 2015-04-29  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Municipio:** Tekax  
**Localidad:** Ejido San Marcos Carr. Tzucacab-Becanchen km 15 a partir del entronque Tzucacab-Tekax  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 20.004444°, **Longitud:** -89.181389°  
**Altitud (m):** 130

***Alseis yucatanensis* Standl.**

**Reino:** Plantae  
**Phylum o división:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Gentianales  
**Familia:** Rubiaceae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU  
IBUNAM:MEXU:1454876**

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
No. de catálogo: 17306**



**Determinador (es): A. Rincón-Gutiérrez**  
**Fecha de determinación: 2013-05**  
**Colector (es): P. Sinaca-Colín**  
**Fecha de colecta: 2011-08-26**  
**Forma de vida o estadio: Árbol**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Quintana Roo**  
**Municipio: José María Morelos**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud: 19.80219°, Longitud: -88.8634°**  
**Altitud (m): 23**

**Determinador (es): C. Albor**  
**Fecha de determinación: 2012**  
**Colector (es): Y. Morales**  
**Fecha de colecta: 2012-02-16**  
**Forma de vida o estadio: Árbol**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Yucatán**  
**Municipio: Tzucacab**  
**Localidad: Laguna de Santo Domingo**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud: 20.000000°, Longitud: -89.033333°**

***Metopium brownei* (Jacq.) Urb.**

**Reino:** Plantae  
**División:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Sapindales  
**Familia:** Anacardiaceae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU**  
IBUNAM:MEXU:1474825

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín**  
No. de catálogo: 23269



**Determinador (es):** R. Medina-Lemos  
**Fecha de determinación:** 2018  
**Colector (es):** L. Salinas-Peba  
**Fecha de colecta:** 2014-07-07  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Municipio:** Hunucmá  
**Localidad:** Carretera Hunucmá-Sisal, rumbo a Sisal  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 21° 06' 13.1'', **Longitud:** -89° 58' 55.7''  
**Altitud (m):** 4

**Determinador (es):** J. J. Ortiz-Díaz  
**Fecha de determinación:** 2019  
**Colector (es):** J. J. Ortiz-Díaz, G. Palma  
**Fecha de colecta:** 2019-09-18  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Localidad:** Carr. Mérida-Xmatkuil km 15.5  
Campus de Ciencias Biológicas y  
Agropecuarias de la UADY  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 20.866844°, **Longitud:** -89.623381°  
**Altitud (m):** 8

***Croton reflexifolius* H.B.K.**

**Reino:** Plantae  
**División:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Malpighiales  
**Familia:** Euphorbiaceae  
**Tribu:** Crotonae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU**  
IBUNAM:MEXU:1445931

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín**  
No. de catálogo: 23281



**Determinador (es): V. Santos.**  
**Fecha de determinación: 2003-05-21**  
**Colector (es): A. EK D.**  
**Fecha de colecta: 2003-05-21**  
**Forma de vida o estadio: Árbol**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Quintana Roo**  
**Municipio: Othón P. Blanco**  
**Localidad: 3 Km N San José Aguilar**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud 18.400880°, Longitud -89.008340°**  
**Altitud (m): 145**



**Determinador (es): J. J. Ortíz-Díaz**  
**Fecha de determinación: 2019**  
**Colector (es): J. J. Ortíz-Díaz, J. Tun**  
**Fecha de colecta: 2019-09-18**  
**Forma de vida o estadio: Árbol**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Yucatán**  
**Municipio: Tekax**  
**Localidad: Carr. Alfonso Caso-Becanchén  
Km 22**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud: 19.945711°, Longitud: -89.181114°**  
**Altitud (m): 90**

*Thouinia paucidentata* Radlk.:

Reino: Plantae  
Phylum o división: Magnoliophyta  
Clase: Magnoliopsida  
Orden: Sapindales  
Familia: Sapindaceae

Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU  
IBUNAM:MEXU:1437264

UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
No. de catálogo: 12838



Determinador (es): **J. Calónico-Soto**  
Fecha de determinación: **2017**  
Colector (es): **W. Canche, M. G. Romero**  
Fecha de colecta: **2005-02-22**  
País: **México (MX)**  
Estado: **Yucatán**  
Municipio: **Mérida**  
Coordenadas (D.d):  
**Latitud: 21.025000°, Longitud: -89.641667°**



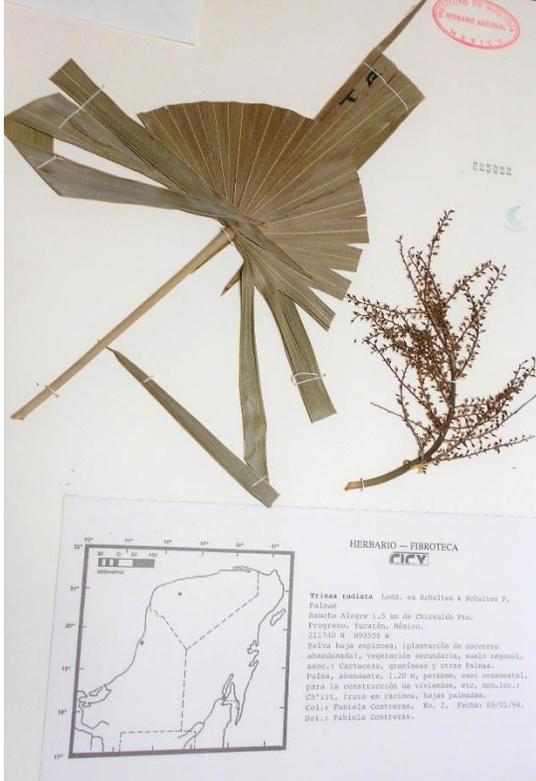
Determinador (es): **F. Duarte**  
Fecha de determinación: **2008**  
Colector (es): **F. Duarte, A. Pereira**  
Fecha de colecta: **2008-07-12**  
Forma de vida o estadio: **Árbol**  
País: **México (MX)**  
Estado: **Yucatán**  
Municipio: **Tekax**  
Localidad: **Carr. a Nohalal-Sudzal Chico**  
Coordenadas (D.d):  
**Latitud: 19.730111°, Longitud: -89.187528°**

***Thrinax radiata* Lodd. ex Schult. & Schult.f.**

**Reino:** Plantae  
**Phylum o división:** Magnoliophyta  
**Clase:** Liliopsida  
**Orden:** Arecales  
**Familia:** Palmae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU  
IBUNAM:MEXU:625022**

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
No. de catálogo: 23077**



**EJEMPLAR REPRESENTATIVO**

**Determinador (es): F. Contreras**  
**Colector (es): F. Contreras**  
**Fecha de colecta: 1994-01-05**  
**Forma de vida o estadio: Palma**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Yucatán**  
**Localidad: Rancho Alegre 1.5 Km Chicxulub**  
**Pto. Progreso**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud: 21.294444°, Longitud: -89.584722**

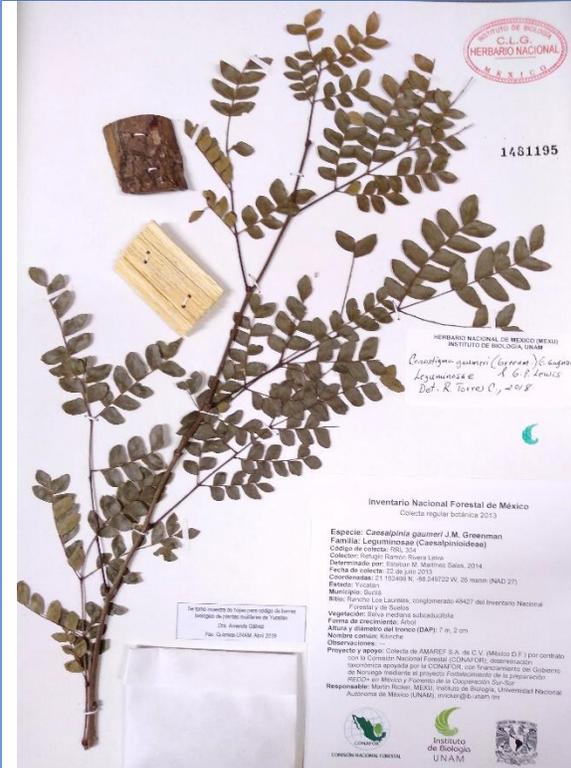
**Determinador (es): J. S. Flores**  
**Fecha de determinación: 2017**  
**Colector (es): J. S. Flores**  
**Fecha de colecta: 2013-09-10**  
**Forma de vida o estadio: Palma**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Quintana Roo**  
**Municipio: Othon P. Blanco**  
**Localidad: Km 280 carretera a Chetumal**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud: 19.038558°, Longitud: -88.404689°**  
**Altitud (m): 33**

***Caesalpinia gaumeri* J. M. Greenman**

**Reino:** Plantae  
**Phylum o división:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Fabales  
**Familia:** Fabaceae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
 MEXU  
 IBUNAM:MEXU: 1481195**

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
 No. de catálogo: 23272**



**Determinador (es):** E. Martínez-Salas  
**Fecha de determinación:** 2014  
**Colector (es):** R. R. Rivera  
**Fecha de colecta:** 2013-07-22  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Municipio:** Sucilá  
**Localidad:** Rancho Los Laureles, conglomerado 48427 del Inventario nacional Forestal y de Suelos  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 21.162499°, **Longitud:** -88.249722°  
**Altitud (m):** 25



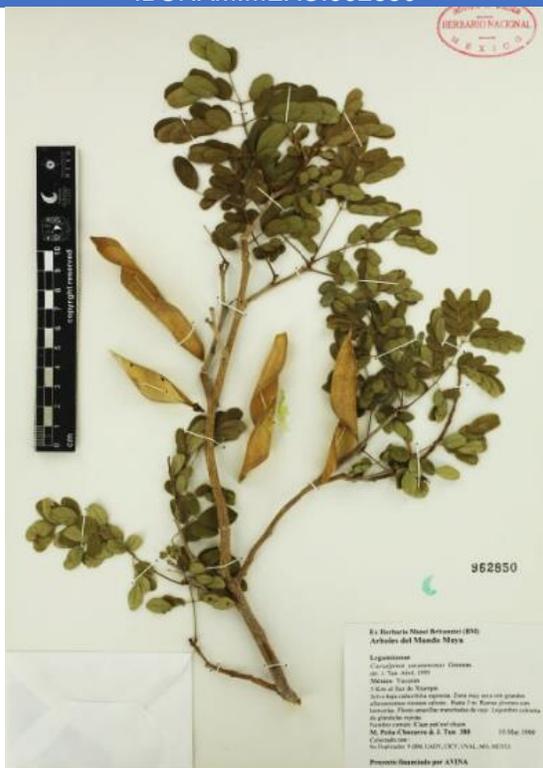
**Determinador (es):** J. J. Ortiz-Díaz  
**Fecha de determinación:** 2019  
**Colector (es):** J. J. Ortiz-Díaz, G. Palma  
**Fecha de colecta:** 2019-09-18  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Localidad:** Carr. Mérida-Xmatkuil km 15.5  
**Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la UADY**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud:** 20.866844°, **Longitud:** -89.623381°  
**Altitud (m):** 8

***Caesalpinia yucatanensis* Greenm.**

**Reino:** Plantae  
**Phylum o división:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Fabales  
**Familia:** Fabaceae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU**  
IBUNAM:MEXU:962850

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín**  
No. de catálogo:23273



**Determinador (es):** J. Tun  
**Fecha de determinación:** 1999-04  
**Colector (es):** M. Peña- Chocarro, J. Tun  
**Fecha de colecta:**1999-03-10  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Localidad:** 5 km al Sur de Xtampú

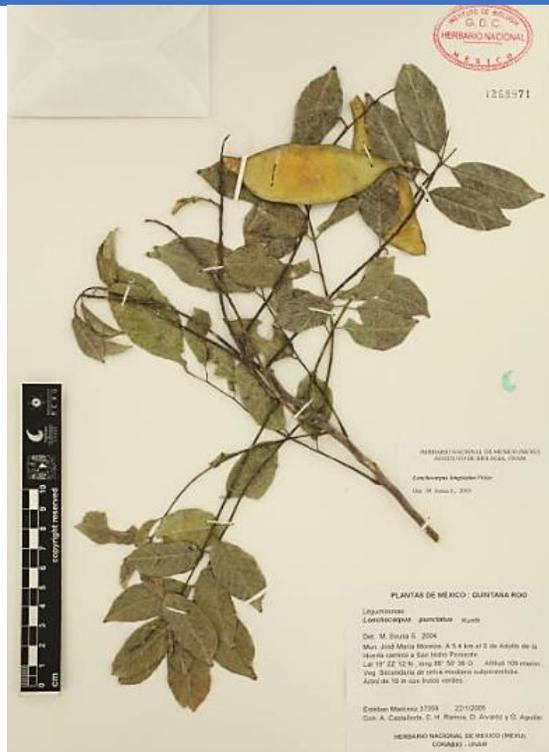
**Determinador (es):** J. J. Ortíz-Díaz  
**Fecha de determinación:** 2019  
**Colector (es):** J. J. Ortíz-Díaz, G. Palma  
**Fecha de colecta:** 2019-09-18  
**Forma de vida o estadio:** Árbol  
**País:** México (MX)  
**Estado:** Yucatán  
**Localidad:** Carr. Mérida-Xmatkuil km 15.5  
Campus de Ciencias Biológicas y  
Agropecuarias de la UADY  
**Coordenadas (D.d):**  
Latitud: 20.866844°, Longitud: -89.623381°  
**Altitud (m):** 8

***Lonchocarpus longistylus* Pittier**  
***Lonchocarpus punctatus* Kunth**

Reino: Plantae  
 Phylum o división: Magnoliophyta  
 Clase: Magnoliopsida  
 Orden: Fabales  
 Familia: Fabaceae

Identificador único :  
 IBUNAM:MEXU:1268971

UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
 No. de catálogo: 23271



Determinador (es): **M. Sousa**  
 Fecha de determinación: **2010**  
 Colector (es): **E. Martínez Con: A. Castañeda, C.H. Ramos, D. Álvarez y G. Aguilar**  
 Fecha de colecta: **2005-01-22**  
 Forma de vida o estadio: **Árbol**  
 País: **México (MX)**  
 Estado: **Quintana Roo**  
 Municipio: **José María Morelos**  
 Localidad: **A 5.4 km al Sur de Adolfo de la Huerta camino a San Isidro Poniente.**  
 Coordenadas (D.d):  
**Latitud: 19.370000, Longitud: -88.843333**  
 Altitud (m):**109**

Determinador (es): **J. J. Ortíz-Díaz**  
 Fecha de determinación: **2019**  
 Colector (es): **J. J. Ortíz-Díaz, G. Palma**  
 Fecha de colecta: **2019-09-18**  
 Forma de vida o estadio: **Árbol**  
 País: **México (MX)**  
 Estado: **Yucatán**  
 Localidad: **Carr. Mérida-Xmatkuil km 15.5**  
 Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias de la UADY  
 Coordenadas (D.d):  
**Latitud: 20.866844°, Longitud: -89.623381°**  
 Altitud (m): **8**

*Lonchocarpus yucatanensis* Pittier

Reino: Plantae

Phylum o división: Magnoliophyta

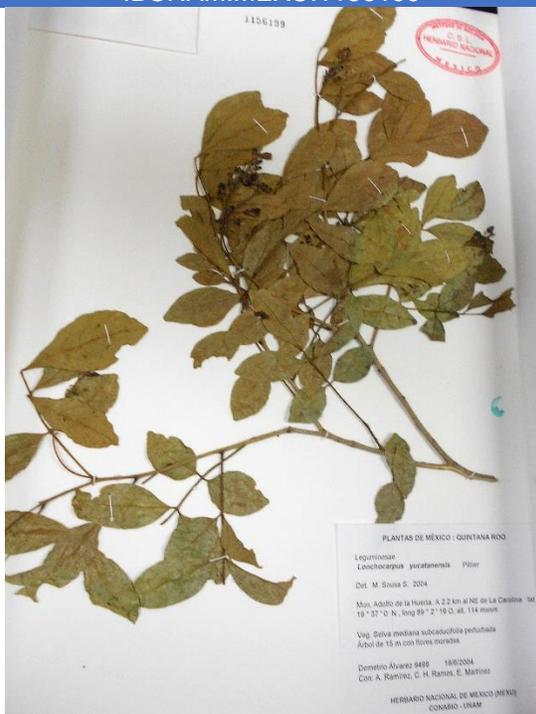
Clase: Magnoliopsida

Orden: Fabales

Familia: Fabaceae

Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU  
IBUNAM:MEXU:1156199

UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
No. de catálogo: 14849



Determinador (es): **M. Sousa**  
Fecha de determinación: **2004**  
Colector (es): **D. Álvarez Con: A. Ramírez, C.H. Ramos, E. Martínez**  
Fecha de colecta: **2004-06-19**  
Forma de vida o estadio: **Árbol**  
País: **México (MX)**  
Estado: **Quintana Roo**  
Municipio: **Adolfo de la Huerta**  
Localidad: **A 2.2 Km al NE de La Carolina**  
Coordenadas (D.d):  
**Latitud: 19.616667°, Longitud: -89.038611°**  
Altitud (m): **114**



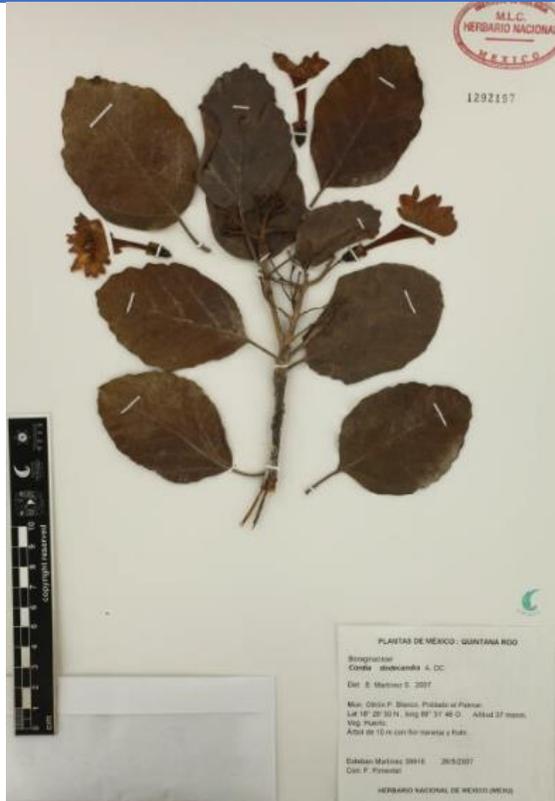
Determinador (es): **C. Gutiérrez-Báez**  
Fecha de determinación: **2005**  
Colector (es): **C. Gutiérrez-Báez, K. Triplett**  
Fecha de colecta: **2005-06-15**  
Forma de vida o estadio: **Arbusto perenne**  
País: **México (MX)**  
Estado: **Yucatán**  
Municipio: **Espita**  
Localidad: **7 Km al oeste de Espita**  
Coordenadas (D.d):  
**Latitud: 21.000000°, Longitud: -88.333333°**  
Altitud (m): **20**

***Cordia dodecandra* A.DC.**

**Reino:** Plantae  
**Phylum o división:** Magnoliophyta  
**Clase:** Magnoliopsida  
**Orden:** Boraginales  
**Familia:** Boraginaceae

**Instituto de Biología: Herbario Nacional  
MEXU  
IBUNAM:MEXU:1292197**

**UADY: Herbario Alfredo Barrera Marín  
No. de catálogo: 23274**



**Determinador (es): E. Martínez**  
**Fecha de determinación: 2007**  
**Colector (es): E. Martínez con F. Pimentel**  
**Fecha de colecta: 2007-05-26**  
**Forma de vida o estadio: Árbol**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Quintana Roo**  
**Municipio: Othón P. Blanco**  
**Localidad: Poblado el Palmar**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud: 18°26'50", Longitud: -88°31'46"**  
**Altitud (m): 37**

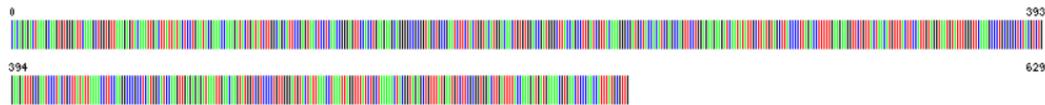
**Determinador (es): J. J. Ortiz-Díaz**  
**Fecha de determinación: 2019**  
**Colector (es): J. J. Ortiz-Díaz, G. Palma**  
**Fecha de colecta: 2019-09-18**  
**Forma de vida o estadio: Árbol**  
**País: México (MX)**  
**Estado: Yucatán**  
**Localidad: Carr. Mérida-Xmatkuil km 15.5**  
**Campus de Ciencias Biológicas y**  
**Agropecuarias de la UADY**  
**Coordenadas (D.d):**  
**Latitud: 20.866844°, Longitud: -89.623381°**  
**Altitud (m): 8**

# ANEXO 3. IDENTIFICACIÓN BASADA EN LAS SECUENCIAS DE LOS MARCADORES MOLECULARES

Specimen Details Current		Marker Summary				
<b>Sample ID:</b>	L312-001	<b>Marker Code</b>	<b>Sequence Length</b>	<b>GC</b>	<b>Ambiguous</b>	<b>Trace Count</b>
<b>Process ID:</b>	AGMCV017-20	rbL	630	43.7%	0%	2
<b>Project:</b>	AGMCV	matK	826	33.5%	0%	4
<b>Tax Names:</b>	Tracheophyta, Magnoliopsida, Gentianales, Rubiaceae, Alseis, Alseis yucatanensis					
<b>Taxon:</b>	Alseis yucatanensis					
<b>Rank Name:</b>	species					
<b>Sampling Protocol:</b>	N/A					
<b>BIN URI:</b>	N/A					
<b>Kingdom:</b>	Plantae					

rbL

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

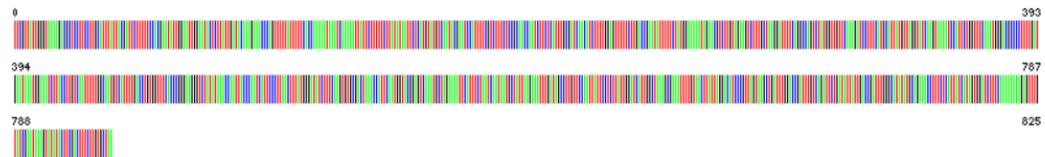
CACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGATTCAAAGCTGGGTAAAGAGTACAAATTGACTTATTACTCCTGAATACGAAACCAAAGATACTGATATCTTGCGAGCATTCCGAGTAACCTCTCAACC66GAGTCCACCTGAAGAAGCAGGGGCCGGTAGCTGCCGAATCTTACTGGTACA  
TGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAAGGGGATGCTACCACATCGAGCCAGTTCTGGAGAAGAAGATCAATATATTGCTTATGTAGCTTACCCTTAGACCCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTAGGTAAATGTTGGGT  
TCAAAGCCCTGCGCGCTCTACGCTCTGGAAGATTGCGAATCCCTACTGCTTATTAATAAACCTTCCAAGGCCCGCCTATGGCATCCAAGTTGAGAGAGATAAATGAACAAGTATGGTCTGCCCTGTTGGGATGACTATAAACCTAAATAGGTTATCTGCTAAAAACTACGGTAGAGC  
TGTTTTGAATGCTCTTGGCGTGGACTTGATTTTACCAAGATGATGAAAACGTGAACCTCCCAACCTTATATGCTGTG

## Amino Acid Sequence

TETKASVGFKAGVKEYKLYTPEYETKDDTDLAARVPTQPQVPPPEEAGAAVAEESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYGRCYHIEPVGEEEDQYIAYVYPLDLFEESVTFMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQGPPIHQVERDKLNKYGRPLLGTIKPKLGLSAKNYGRA  
VYECLEGLDFTKDDENVNSQPFMRX

matK

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

TTCGTTATTGGGTAAGAGCCTCTTCTTGCATTATTACGATCTTTTCCACGAATTTGGAATTGGAATCTCTATTGATACAAGAAGCCAGTTTTATTTCACCAAAAAATAAATAAAAAATTTCTTTTCTATATAATTCATGATGTCAATACGAATCCATTTCTG  
CTTCTCCGCAACCAATCTTCTCATTTGCGATCAACATCTTTTGGAGTTTTCTTGACCAGATATTTCTATGAAAAATAGAAGCTTTGTAGAAGTCTTTGCTAAGGATTTTCAGGCCAGTCTATGGTTGTTCAAGATCCCTTCATGCATTATGTTAGGTATCAAGTAAAAATCCATTCTG  
GTTTCAAATGGGACGCCCTTTTGTGAATAAATGGAATCTTACCTGTCAATTTTGGCAATGTCAATTTGACCTGTGGTTTCCACCCGGGAAGGGCTATATAAACCAATTACCAATCATTCCCTTAACCTTATGGGATATCTTCAAGTGTGCGACTAAACCAATCAATGGTACGGAGTC  
AAATGCTAGAAAAATTCATTTCTAATCAATAATGCTATAAGAAATTTGATAGCCTTGTCCAATTTCCCTCTTATGGATCATTGGCTAAAGCGAAATTTGTAACCTATTAGGACATCCCGTATGTAAGCTGATTGGACGATTGTCCAGATCTGATATTATGACCGATTGGGCATAT  
ATGCAGAAACCTTCTCATTATCATAGTGGATCTTTCAAAAAAGAGTTGTATCGAATAAGTATATACTTCGACTTCTTGTGCTAA

## Amino Acid Sequence

RYWVDAPSLHLLRFFHEYMNWMLIDTKKPSFYSPKINQKLLFFLYNSHVCQYESIFVFLRNQSSHLRSTSFQVFLDRIFFYGKIERLVEVFAKDFQASLMLFKDFPHYVRYQVKSILVSNGLPLMNNKWSYLVNFQCHFDLHFHPGRVYINQLPNHSLNFMGLSSVRLNHSVMRSQ  
MLENSFLINNAIKKFDLVPDIPLIGSLAKAKFCNLLGHPVSKLIWTDLSDSDIIDRFHGICRNLSHYHSGSFKKSLYRIKYILRLSCAX

## Specimen Details Current

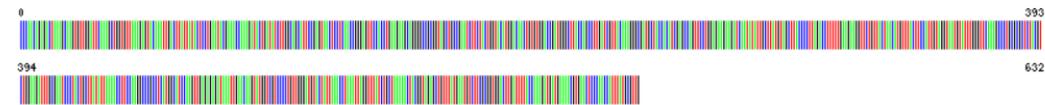
**Sample ID:** MEXU1454876  
**Process ID:** AGMVC004-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Gentianales, Rubiaceae, Alseis, Alseis yucatanensis  
**Taxon:** Alseis yucatanensis  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

## Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	633	43.6%	0%	2
matK	697	33.9%	0%	2

## rbcl

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

```
CCCAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCTGGTGTAAAGAGTACAATGACTTATTATACTCCTGAATACGAAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAACCGGGAGTTCACCTGAAGAAGCAGGGCCGCGGTAGCTGCCGAATCTCTACTGGT  
ACATGGACAACTGTGTGGACCGATGGGCTTACAGCTTGTATCGTTACAAGGGCGATGCTACCACATCGAGCCAGTTCTGGAGAAGAAGATCAATATATGCTTATGAGCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGTCTGTACTAACATGTTACTTCCATTGTAGGTAATGTATTG  
GGTTCAAAGCCCTGCGGCTCTACGCTCGGAAGATTTGCGAATCCCTACTGCTTATTTAAAACCTTCCAAGGCCCGCTCATGGCATCCAAGTGGAGAGATAAATGACAAGTATGGTCCTCCCTGTTGGGATGACTATTAACCTAAATAGGTTTACTCTAAAACTACGGTAG  
AGCTGTTTATGAATGCTTTCGCGGTGGACTTGATTTTACCAAGATGATGAAACGTGAACCTCCAACCAATTTATGCGTTG
```

### Amino Acid Sequence

```
PTETKASVGFKAGVKEYKLYTYPEYETKDIILAAFRVTPQGVPPPEEAGAAVAESSTGTWTVNIDGLTSLDRYKGRVYIEPVPGEEDQYIAYVAYLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVGFKALRALRLEDLRIPTAYIKTFQPPHGIQVERDKLNKYGRLPGCTIKPKLGLSAKNYGR  
AVYECLRGLDFTKDDEINVSQPFMRX
```

## matK

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

```
GGAAATGGAATACTCTATTGATACAAGAAACCCAGTTTTATTTTCCACAAAATAAATCAAAAATTCTTTTCTTATAATAATTCTCATGTATGTCATCAATCAAGAACCATTTTCGTCTTCTCCGCAACCAATCTCTCATTGCGATCAACATCTTTGGAGTTTTCTTGACCGAAT  
ATTTTCTATGAAAAATAGAAGCTCTGTGAGAAGCTTTGCTAAGGATTTTCAGGCCAGTCTATGGTGTTCAAAGATCCCTTCATGCAATTATGTTAGGATCAAGTAAATCCATTCTGGTTCAAATGGGACGCCCTTTGATGAATAAGTGAATCTACCTGTCAATTTTGGCAA  
TGTCAATTTGACCTGTGGTTTACCAGGGAAGGCTTATAAACAATTAACCAATCAATCCCTTAACCTTATGGGATATCTTCAAGTGTGCACTAAACCATTAATGGTACGGAGTCAAATGCTAGAAAAATCATTCTAATCAATAATGCTATTAAGAAATTTGATAGCCTGTCCAA  
TTATCTCTTATTGGATCATTGGCTAAAGCAAAATTTGTAACCTATTAGGACATCCCGTATGTAAGCTGATTTGGACCGATTGTCAGATCTGATATTGACCGAATTTGGGATATATGCAGAAACCTTTCTCATATCA
```

### Amino Acid Sequence

```
NWNTLIDTKPSFYFSPKINQKLFLLYNSHVQYESIYVFLRNQSSHLRSTSFVFLDRIFFYKIERLVEVFAKDFQASLWLFKDFPHYRVYQVKSILVSNGLPLMNNKSYLVNFWQCHFDLWPHFGRVYINQLPNHSLNFMGYLSSVRLNHSVRSQMLENSFLINNAIKKFDLSLVI  
IPLIGSLAKAKFCNLLGHPVSKLINTDLSDSIIDRFHGICRNLSHYX
```

Specimen Details Current

**Sample ID:** UADY23272  
**Process ID:** AGMVCV010-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Caesalpinioideae, Caesalpinia, Caesalpinia gaumeri  
**Taxon:** Caesalpinia gaumeri  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	626	43.3%	0%	4
matK	825	31.5%	0%	2
ITS2	463	62.9%	0%	2
trnH-psbA	458	27.9%	0%	2

rbcl

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

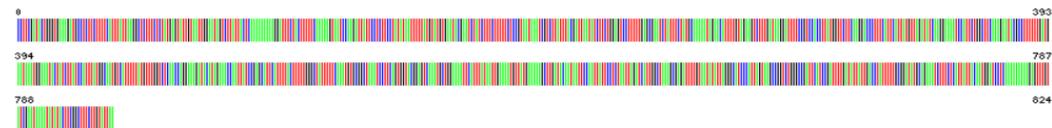
AACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGTTCAAAGCTGGTGTAAAGATTATAAATTGACTTATTATACCTGACTATGAACCAAGAGACTGATATCTGGCAGCATCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTTCGCCCTGAAGAAGCAGGTGCCGCGGTAGCTGTAATCTTCTACTGGTACA  
 TGACCAACTGTGTGGACGATGGCTTACCACTCTGATCGTTACAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTATCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGTCTGTACTAACATGTTACTCCATTGTGGTAAATGATTTGGGT  
 TCAAGGCCCTGGCGCTCTACGCTGGAGGATTTGCGAATCCCTACTCTTATACTAAAACCTTCCAAGTCCGCTCACCGACTCAAAGTGAAGAGATAAATGAACAAGTACGGCCCTCCCTATTGGGATGATATTAAACCTAAATGGGGTTATCCGCTAAGAATTACGGTAGAGC  
 TGTATTGAATGCTCCGCGGTGGACTGATTATCAAGAATGATGGAATGTGAATCCCAACCTATTATGC

Amino Acid Sequence

TETKASVGFKAGVDYKLYTYPDYETKDTDLAARVTPQGPVPEEAGAVAAESSTGWTWITDGLTSLDRYKGRCHIEPVAGEENQYIAYVAYPLDFEESVYVNHFTSIVGHVFGFKALRALRLEDLRIPSTYKTFQSPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRA  
 VYECRLRGLDFTKDEHVNISQPFHX

matK

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

CCCTGGACTGGGTGAAGATGCCCTCTCTTTCAATTAATTAAGGCTCTTCTCTATGAGTATTGTAATGGAATAGTCTTATTAACCAAAAAAGGATTTCTACTTTTCAAAAAAGTAATCAAGATTAATCCCTCTCTATAATAATTTTATGATGTAATACGAATCTATCTTTCT  
 TTTCTCCGTAATAATCGTCTATTTACGATTAATATCTCTGGAGTCTTTTGGAGCAATCTATTCTATGCAAAAATAGAAATTTTGAAGTCTTGATAGGATTTTCGCTCACCTATAGTCTTCAAGGACCTTCTCAATTATGTAGATATCAAGGAAAATCACTCTGG  
 CTTCAANGAATACGCCCTTTTGTAGTAATAATGGAATACTATCTTACCTATATGGCAATGCAATTTTATGTTGGTCAACACAGGAAGATACATAGAAACCAATTAACCGAGCTCATTACTTTTGGGCTATTTTCAAAATGCGGCTAAATCCTCAGTGTACGGAGTCA  
 AAGCTGGAAATTCATTTATAATTGAAAATGTTATGAAAAGCTTGATACAATAATCCCAATATTCTCTAAATAGATCATTGGCTAAAGCGAGATTTGTAATATATAGGGCTCCCAATAGTAAGCCGCTCTGGGCCGATTCACCGATTTGATATATTGACCTATTTTGGGATA  
 TGCAGAAATCTTCTCAATTAACAATGGATCCCAAAAAAGAGTTTGTATCGAATAAATAATATACTTGGCTTCTTGATTATA

Amino Acid Sequence

LRYNVKDSFHLRLFLYEYCNMNSLITQKRISTF5KSNRPLFLFYNFVYCEYISFLFRNKSSYLRLISSGLFERIYFAYKIEHFVEVDFKDFPFLWFKDPFZHYVRYQGSILASKNTPFLNMKMYYL IHLWQHFYVMSQPKIHRNLSEHSFYFLGYFSVNRNLNPSVVR5Q  
 MLNSFIIENWKKLDIIP I IPLIRSLAKARCNLGHPI5KPVWAD55DFDIIDLFLICRNL5HYNG5SKSLYRIKYLRL5CIX

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GTGAATTGCAGAACCCGTGAACATCGAGTCTTGAACCGAAGTTCGCCCCGAAGCATTAGCCGAGGGACGCTGCTGCGGTGTCACACATCGTTGCCCTTCCCGCTGCATCGCCCTCGCGGGGCTGTGACGGAGCGGGGATCATGGCTCCCGTGGACTCGCCCGCGTT  
 GGC CGAAAAACGAGCCCTGTGTGGCGGCCACGCTCTTCBGTGGACGAGTGCACTGATACCGCGCTGCGCGCTGCTCCCTCGGTAGGGCCACGAGACCTCTGCGAAGCACATCCAAGCGACCCAGCTCAGCGGGGCTACCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGAGG  
 AAAGAAATCAACAGGAATCCCTTAGTAAKCGGCGAGCAACGGGAAAGCCACCATGAAAACTCGTCCGACCGCGCTCGAATGTAGCT

Amino Acid Sequence

Not available

trnH-psbA

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

ACGTAATGCTCAACTTCCCTTAGACCTAGCTGGGTGAGGCTCATCTATAAATGATAAAAAATTAGGCTTAATGATATAGTTTTTGAAGTAAAGGAGCAATCAACCCCTTGATATTGCTCTTACTTTTTTTTTTATGAGTTTTTTCTCAGACATCAATTTTTTAT  
 ACTTCAATATCTTAAAAAAAATGGATTTTTTGTCTTTTTACTAATTTATTTATAGTTTTTCTCATCAATCTTTCTTCTTTTGAAGTAAAAAAGGAGAAATGAATGTAAAAATTTAGTCTATGATCTATGAGAAGCAGGAAAAATAAAAATAAAAAAG  
 AAAGAAATAAATGGAATCCCTGTAACTAATTTTTATGATAGTATAGGGCGGATGAGCCAGTGGATCAAGCGAGTGGATTGGAT

Amino Acid Sequence

Not available

Specimen Details Current		Marker Summary				
<b>Sample ID:</b>	UADY23273	<b>Marker Code</b>	<b>Sequence Length</b>	<b>GC</b>	<b>Ambiguous</b>	<b>Trace Count</b>
<b>Process ID:</b>	AGMVCV011-20	<i>rbcl</i>	634	43.5%	0%	4
<b>Project:</b>	AGMVCV	<i>matK</i>	809	31.6%	0%	2
<b>Tax Names:</b>	Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Caesalpinioideae, Caesalpinia, Caesalpinia yucatanensis	<i>ITS2</i>	407	66.6%	0%	2
<b>Taxon:</b>	Caesalpinia yucatanensis	<i>trnH-psbA</i>	497	26.8%	0%	2
<b>Rank Name:</b>	species					
<b>Sampling Protocol:</b>	N/A					
<b>BIN URI:</b>	N/A					
<b>Kingdom:</b>	Plantae					

rbcl

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

CCAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGTTCAAAGCTGGTAAAGATTATAAATTGACTTATTATACCTCGACTATGAAACCAAGATACGATATCTGGCGAGTCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTCCGCCTGAAGAAGCAGGTGCCGGTAGCTGCTGAATCTCTACTGGTGA  
CATGGACCACTGTGGACCGATGGCTTACCAAGTCTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCCGTGTGGGAAGAAAATCAATATATGCTTATGAGCTTATCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTCCATGTGGGTAATGATTGG  
GTTCAAGGCCCTGGCGCTCTACGCTCTGGAGATTTCGAATCCCTCTCTTATACTAAACTTCCAAAGTCCGCTCACGGCATCCAAAGTTGAGAGAGATAAATGAACAAGTACGGCCGCTCCCTATTGGGATGATATTAAACCTAAATGGGGTATCCGCTAAGAATTACGGTAGA  
GCTGTTTATGAATGCTCCGCTGGTGAATGTTTACCAAGATGATGAGAAATGTAATCCCAACCTATTATGCGTTGGA

### Amino Acid Sequence

PTETKASVGFKAGVDYKLYTYPDYETKDDIILAFRVTFQPGVPEEAGAAVAESSGTWTVWTDGLTSLDRYKGRVHIEPVAGEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLIPP5YTKTFQ6PPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKINVR  
AVYECLRGLDFTKDDENVNSQPFMRHX

matK

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

AACTCTGGTGAACCCCTCGATACTGGTGAAGAGTCCCTCTCTTTTCATTATTAAGGCTCTTCTTATGAGTATTGTAATGGAATAGTCTTATTACTCAATAAAAAAGGATTCTATTTTTCAAAAAAGGAATCCAAGATTATCTCTCTTATATAAATTTTATGTATATGAATAC  
GAATCTACTTTCTTTTCTCTGGTAAACAACTCGTCTTATTTACGATTAAACATCTCTGGAGTCTCTTTGAGCGAATCTATTCTATGCAAAAATAGAACATTTTGAAGGCTTTGATAAGGATTTCCCGTCCACTTATGGTCTCCAGGACCCCTTCAATTCATTATGATATCAAG  
GAAATCACTCTGGCTTCAGGAAATACGCCCTTTTAAATGAATAAATGGAAATCTACTTATCCATTTATGGAAATGTCATTTTATGTTGCTCAACCGAAGATCCATAGAAACCAATATCCGAGCATTCATTTTACTTTTGGGATTTGTTCAATGTGGGCTAAATCTTC  
AGTGTACGAGGATCAATGTGGAAATTCATTTAATGAAATGGTATGAAAGCTTGATACAATAATCCAAATTTCCCTCAATTAGATCAATGGCTAAAGCGAGATTTGTAATATATAGGGATCCCATAGTAAGTGTATCTGGGCCATTCACTGATTTTGTATATTGAC  
CGATTTTGGCGGATGACGAAATCTTCTCATTATACAATGGATCTCAAAAAAAGAGATTGTATCGTA

### Amino Acid Sequence

ILVETLRYVVKDASSFHLLRLFLVEYCNWNSLITPKRISIFSKRNPLFLFLYNYVYVESIFLFLRNKSSYLRLTSSGVLFRFYRYAKIEHLEVFDFKPPSTLWFPQDFIHYVRYQKSLASRNTPLFMNKHVYLHLMQCHFYVHSQPKGKTHRNQLSEHSFYFLGYCSNVRLNPS  
VVRSMQLENSFIENGKMLDIIPIIPLIRSLAKARFNLGHPISKLIWADSSDFDIIDRFLRICRNLSHYNGSSKSKSLYKX

ITS2

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

GTTGCGCCCGAAGCATTAGGCCGAGGGACATGCTGCTGGCGTACACATCGTTGCCCTCCCTCTCCCTCCGCTGGGGCGCGAGGACGGGCGAACATGGCTCCCGGATGCGAGCCTCGCGTGGCGAAAAGAGATCCCGGCGGACCCGCGCTCTCGTGGGACG  
AGTACAACCTCGATGCCGAGGCGTGGCGCTGCTGACACGGCGGGCTACGAGACCCCTCGCGCTGCTAGCGTGACCGCGGAACACGCGACCCAGCTCAGCGGGGCGACCCCGTGAATTAAGCATATAAAGCGGAGAAAAGAACTACAAGGATCCCTTAGTAACGGCGAG  
CGAACCGGAAAAGCCACCATGAAATCGTGCCTCC

### Amino Acid Sequence

Not available

trnH-psbA

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

GTAATGCTCATAACTCCCTCTAGACCTAGCTGTGGTGGAGCTCCATCTATAAATGGATAAGATTTGGTCTTAATGTATACGAGTTTTGAACGTAAGGAGCAATAATTCATTCTTGTCTATCAAGAAGTTGATATTGCTCTTACTTTTCTTTTATAGTAGTTTTTCTCAGAC  
ATAAATGAATTTATTTACTTCAATATCTTTAAAAAATATGGAGTTTCATCTTATACTTTTGTGTTCTTTACTAATTAATTTATACATTTTCTTATCAACCTCTTTATCTTTGAAATGAAAATAAAAAAGAGAAATTAATGTTCAATTTTACGTATTTAGAAAT  
GAGGAAAACCTAAAAGAGAAATAATAAAGAAAGATAACAAATGGAATCTATGTAATTTTAGATAGTCAATTTTAGATAGTATAGGGCGGATGTAGCAAGTGGATCAAGGCGATGATGTA

### Amino Acid Sequence

Not available

Specimen Details Current

Sample ID: UADY23274
Process ID: AGMVC015-20
Project: AGMVC
Tax Names: Tracheophyta, Magnoliopsida, Boraginales, Boraginaceae, Cordia
Taxon: Cordia
Rank Name: genus
Sampling Protocol: N/A
BIN URI: N/A
Kingdom: Plantae

rbcl

Marker Summary

Table with 5 columns: Marker Code, Sequence Length, GC, Ambiguous, Trace Count. Rows include rbcl, matK, ITS2, and trnH-psbA.

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

AGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCTGGTGTAAAGAGTACAAATTGACTTATATACTCCGAAACGAAACCAAGACTGATATCTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAACTGGAGTTCTCTGAAAGAAGCAGGGCCGAGTAGCTGCCAATCTTCTACTGGTACATGG

Amino Acid Sequence

ETKASVGFKAGVKEYKLYTYTPEYETDIDLAAFRVTPQVPPEEAGAAVAESSTGTTTVDGLTSLDRYKGRVYHDPVGEEDQYIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVGFKALRALRLEDLRIIPPAYIKTFQPPHGIQVERDLNKYGRPLLGGCTIKPKLGLSAKNYGRAV

matK

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

TTGCTTTTGGATAAAGATGCCCTTCTCGCATTATTACGATCTTCTCCAGGATTTGGAATAATCTTATACCCGAAAGAACCCAGCTCTCTTTTCAAAGAAATCAAAGATTATCTTCTTATATAATCTCATGTATGTGAATACGAATCCATTTTCGCTTTCTCCG

Amino Acid Sequence

RFVTKDAPSSHLRFFLHEVMNLLITLKKPSSFSKRNQRLFFFLYNSHVCEYSIFVLRNQSHLRSTSSGALLERIVFYKIERLVKVFADKQANLGLFKDFPIHYVRVQKSLASKGTPLLMNMKIKYYLVNFHQCYFYLMSPRGRYINQLSNHSDFMHGLLSVLRNPSMVRSMQLE

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

CGGTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCGTTAGCGGAGGACGCTGCTGGGCTCACGCATCGCTGCCCCCGCACTCCCGCCCTTCAAGGCGCGTGGTGGTGCAGGGGGCGAGCTGGCTCCCGTCCCGTCTG

Amino Acid Sequence

Not available

trnH-psbA

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GTAAGTCCACAACCTCCCTCTAGCTAGCTGCTATTGAAGCTCCATCTACAAATGGATAAGACCTCGGCTTAGTGTATAGGAGTTTTGAAATAAAGGAGCAATAATCACTTTCTGTTCTATCAAGAAGTGGTATTGCTCCTTTATTTCTTTTATTAGTAGTATTTACTACGT

Amino Acid Sequence

Not available

## Specimen Details Current

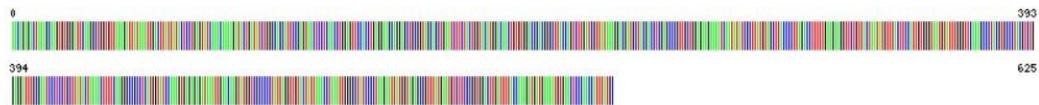
**Sample ID:** UADY23281  
**Process ID:** AGMVC008-20  
**Project:** AGMVC  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Malpighiales, Euphorbiaceae, Crotonoideae, Croton, Croton reflexifolius  
**Taxon:** Croton reflexifolius  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

## Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	626	43%	0%	4
matK	n/a	0%	0%	0
ITS2	442	57%	0%	2

rbcl

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

```
AACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGATTCAAGGCTGGTGTAAAGATTATAAATGACTTATTACTCCTGAGTATCAAAACAAAGACTGATATCTGGGCGAGCATTCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTCCACCTGAGGAAGCAGGAGCTGCGGTAGCAGCTGAATCTTCTACTGGTACATG  
GACAACCTGTGTGGACCGACGGGCTTACAGTCTTGATCGTTATAAAGGACGATGCTACGACCTCGAGCCCGTTGCTGGGAAGAAAATCAATATACGCTTATGAGCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGTTCTGTACTAATATGTTACTTCCATTGTGGGTAATGATTGGGTTCAA  
AGCCCTACGTGCCCTACGCTCTGGAGGATTTGCGAATCCCTCCGCTTATACTAAAACCTTTCAAGGGCCGCTCATGGTATCCAAAGTGAGAGAGATAAATGAACAAGTATGGTGCGCCCTATTAGGTGTACTATTAACCTAAATTGGGGCTATCCGCTAAGAATTATGGTAGAGCGGTTTA  
TGAATGTCTTGGCGGTGGACTTGATTTACAAAGATGATGAAAATGTGAACCTCCCAACCATTTATGC
```

## Amino Acid Sequence

```
TETKASVGFKAGVKDYKLYTYTPEYQTKDIDIAAFRVTPQGPVPEEAGAAVAESSTGNTTWTVDGLTSLDRYKRCYDLEPVEEENQYIAVYAYPLDLFEEGSVTMMFTSIVGNVFGKALRALRLEDLRIPPAYTKTFQGPPIQSERDLNKYGRPLLGCITPKLGLSAKNYGRAVY  
ECLRGGLDFTKDDENVNSQPFHX
```

ITS2

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

```
TGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTGAACGCAAGTTGCGCCAAAGCCTTTCGGCCGAGGGACGCTGCTGGGTGTCACGCAACATCGCCCAACCCATTTAGGGTGTGGTGGGAGTATGGCTCCCGTGCATCCGCTCCCGGGTTGGCGAAAAAATGGCTCTGGC  
TGC GAATGCGCGACAATCGTGGTTGTAAGACCTCGGACAGGGTCGCGCATGTATGCGTTGGTAAGTAGACCCCTTTCGCTGCTTTACGGCACGCTCACATCGCGACCCAGGTGAGGCGGATTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGAGGAAAAAATACAGGATTC  
CCTTAGTAACGGCGAGCAACCGGAATGCCAGCTTGAATCGGGGCTCTCCGACGCTCCGAATTGTA
```

## Amino Acid Sequence

Not available

## Specimen Details Current

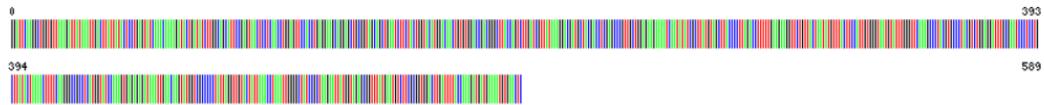
**Sample ID:** MEXU1445931  
**Process ID:** AGMVC007-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Malpighiales, Euphorbiaceae, Crotonoideae, Croton, Croton reflexifolius  
**Taxon:** Croton reflexifolius  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

## Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	590	42.9%	0%	2
matK	n/a	0%	0%	0
ITS2	446	56.3%	0%	2

rbcl

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

```
GGATTCAAGGCTGGTAAAGATTATAAATGACTATTATACTCCCTGAGTATCAAAACAAAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCTCAACCTGGAGTTCACCTGAGGAAGCAGGAGCTGCGGTAGCAGCTGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTGGACCGACG  
GGCTTACCAGCTCTGATCGTTATAAAGGACGATGCTACGACCTCGAGCCGGTCTGGAGAAGAAAATCAATATATCGCTTATGAGCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAATATGTTTACTTCCATTGTGGGTAATGATTTGGGTTCAAAGCCCTACGTGCCCTACG  
TCTGGAGGATTTGCGAATCCCTCTGCTTATACTAAAACCTTCAAGGSCGCCCTCATGATATCAAAAGTGAAGAGATAAATGAACAAGTATGTCGCCCTTATTAGTTGTACTATTAACCTAAATGGGGTATCCGCTAAGAATTATGGTAGAGCGTTTATGAATGCTTCCGCGT  
GGACTTGATTTACCAAGATGATGAAAATGTGAATC
```

## Amino Acid Sequence

```
GFKAGVKDYKLYTYPYEQTKDIDILAAFRVTPQGVVPEEAGAVAAESSTGTWTTVWTDGLTSLDRYKGRCDLEPVAGEENQYIAYVAYPLDFEEGSVTNMFSTIVGNVFGKALRALRLEDLRIPPAYTKTFQGGPHIQSERDKLNKYGRPLLGGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECLE  
GLDFTKDDENVNX
```

ITS2

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

```
GTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTTTTGAACGCAAGTTCGCGCCAAAGCCTTTCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGTGTACGCAACATCGCCCCAACCCATTTAGGGTGTGGTGCAGAAATATGGCTCCCGTGAGATCCGCTCTGCGGTTGGCCGAAAAAATGGTCCCC  
GGCTGTGAATGCCGACAAATCGGTGGTTGTAAAGACCTCCTGGACACAGTCCGCGCATGATGCGCGTTGGCTAAGTAGACCCCTCTGCGCTCTTACGCGCACGCTCACATCGGACCCAGGTCAGGCGGATTACCCGCTGAGTTTAAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAGAACTTACCA  
GATTCCTTAGTAAAGCGGAGGACCGGGAATGCCAGCTTGAATCGGGCTCCGACGTCCGAATTGTAGTC
```

## Amino Acid Sequence

Not available

Specimen Details Current

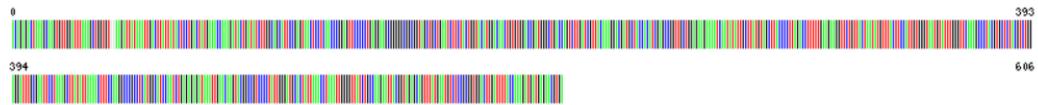
**Sample ID:** MEXU1182551  
**Process ID:** AGMCO01-20  
**Project:** AGMCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Malpighiales, Erythroxylaceae, Erythroxylum, Erythroxylum areolatum  
**Taxon:** Erythroxylum areolatum  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	607	43.5%	0%	2
matK	n/a	0%	0%	0
ITS2	464	57.8%	0%	2

rbcl

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

ACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTTAAAGCTGGTGT--AAGATTATAAATTGACTTATTATACTCTGACTATGAAACCAAGACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAACCCGGAGTCCCCCTGAGGAAGCGGGGGCGCGGTAGCTGCTGAATCTTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGAACCGATGGGCTGACCGTCTTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACACATCGAGCCGGTGGCTGGAGAAGAAATCAATATATGCTTATGTAGCTTACCCCTTAGACTTTTTGAAGAAGTCTGTACTAATATGTTTACTTCCATTGTGGTAATGATTGGGTTCAAAGCCCTACGTGCTACGCTGGAGGATTGCGAATCTTAAAGCTTATATAAACTTCCAAAGCCCGCTCATGGCATCCAACTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTACGGCCGCTCCCTATTGGGATGCACATTAACCTAAATGGGGTTATCTGCCAAGAATTACGTTAGAGCATGTTATGAATGTCTCCGGGTGGACTTGATTTACCAAGATGATGAGAAGCTGA

Amino Acid Sequence

TETKASVGFKAGXXDYKLTYYTPDYETKDTDI LAAFRVTPQGPVPEEAGAAVAESSTGTWTTVHTDGLTSLDRYKRCYHIEPVAEEENQYIAYVAYPLDLFEEGVSVMNFTSIVGNVFGKALRALREDLRIPKAYIKTFQGPPIHQSERDKLNKYGRPLLGCITKPKLGLSAKNYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVX

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GGTGTGAATTGCAGAAATCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCAAAGCCTTTGGCCGAGGGCAGCTAGCTGGGTGTCACGACGGTGCAGGCGGCTCCGCCCCCTCTATTAGCCGATCTTGGGAAGACGGAGGAGGGGGCGGAACCTGGCTCCCGTGAGACTAGTCGCTCGCGCCGCGCTAAAAATCATAGTCCCTGGCGACGATGCCACGACCCGACGGTGGTTGAGCAAGACCTCGAGGGAGTCTGCGTGCAGGCGTACGAGCGACGATCGAATGCAATTTGTCGCCCTGACACAAATTTGATCGCCAGCCAGCTTAGCGGGACTACCCCGTGAATTAAGCATATCAATAAAGCGAGGAAAAGAACTTACAAGGATCCCTTAAGTACGGCGAGCGAACGGGAAGAGCCAGCTTGAAGATCGGATGCCCTGGCGTTCGAATTGTA

Amino Acid Sequence

Not available

### Specimen Details Current

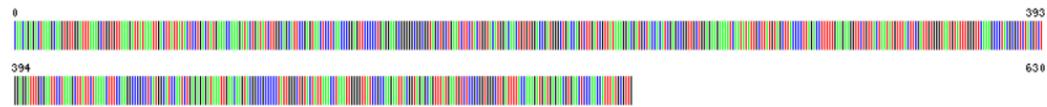
**Sample ID:** UADY23271  
**Process ID:** AGMVCV002-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Malpighiales, Erythroxylaceae, Erythroxylum, Erythroxylum areolatum  
**Taxon:** Erythroxylum areolatum  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

### Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	631	44.2%	0%	2
matK	n/a	0%	0%	0
ITS2	456	57.9%	0%	2

rbcl

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

CAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTAAAGCTGGTGTAAAGATATAAATGACTATTATACTCCCTGACTATGAAACCAAGACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAACCCGGAGTCCCTCGAGGAGCGGGGGCGGTAGCTGCTGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTGGACCGATGGGCTGACCAAGTCTTGTATCGTTATAAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCGGTTCGCTGGAGAAGAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTACCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTCTGTTACTAATATGTTTACTCGATTGTGGTAATGTATTGGTTCAAAGCCCTACGCGCTCTACGCTCGAGGATTTGCGAATTCCTAAAGCTTATTCTAAAACCTTCCAAGGCCCGCTCATGGCATCCAATCTGAGAGAGATAAATGAACAAGTACGGCCGCCCTATTGGGCTGTACTATTAAACCTAAATGGGGTTATCCGCCAAGAATTACGGTAGACAGTTTATGAATGCTCCGCGGTGGGCTGATTTTACCAAGATGATGAGAACGTAACCCCAACCATTTATGCGTTG

### Amino Acid Sequence

TETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYETKDDILAAFRVTPQGPVPEEAGAAVAESSTGTWTTVWDTGLTSLDRYKGRCHIEPVAGEENQYIAYVYPLDLFEEGSVTNHFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPKAYSKTFQGGPHIQSERDKLWYGRPLLGTICKPKLGLSAKINYGRAVYECLRGGLDFTKDDENVNSQPFMRX

ITS2

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

AATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTCGCGCCAAAGCCTTTCGGCCGAGGGCACGTCTAGCTGGGTGCACGACGCTCGCCCCCTCTCATTAGCCGATCTTGGAAAGACGGAGGAGGGGGCGGAACCTGGCCCTCCGAGACTAGTCGCTCGCGCCGCCCTAAAATCATAGTCCCTGGCGACGATCGCCACGACGACGCTGTTGAGCAAGACCCTCGAGGGAGTGTGCTGTGCGCTCAGGCGACGATGGAATGCAATTTGTCGCCCTGACACAATTTGATCGCGACCCAGCTTAGCGGGACTACCGCTGAGTTTAAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAGAAGAACTTACAAGGATCCCTTAGTAACGGCGAGCGAAGGGGAAGAGCCAGCTTGAAGATCGGATGCCCTGGCGTTGCAATTG

### Amino Acid Sequence

Not available

## Specimen Details Current

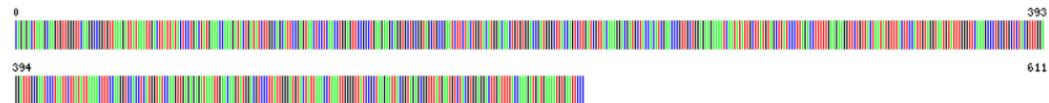
**Sample ID:** MEXU1268971  
**Process ID:** AGMVC012-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Lonchocarpus, Lonchocarpus punctatus  
**Taxon:** Lonchocarpus punctatus  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

## Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	612	41.3%	0%	2
matK	849	28.2%	0%	4
ITS2	421	57%	0.5%	4

## rbcl

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

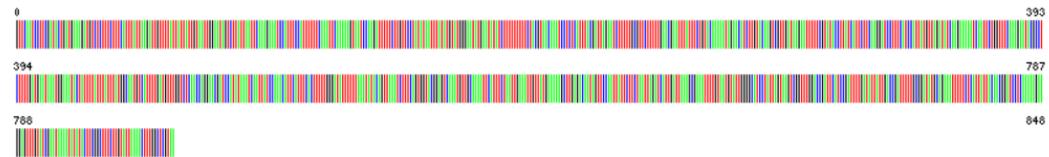
CAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGTTCAAGCCGGTGTAAAGATTATAAATGACTTATTATACCTCTGACTATGAAACCAGAGACTGATATCTTGGCAGCATCCGAGTAACTCTCAACCTGGAGTCCGCCCTGAAGAAGCAGGTGCTGCGGTAGCTGCCGAATCTCTACTGGTACATG  
GACCACTGTGTGGACGATGGGCTTACAGTCTTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACCACATCGAACCCGTTGCTGGAGAAGAAAATCAATATATTGCTTATGATAGCTTATCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTCTGTTACTAATATGTTTACTCCATTGTAGGTAATGTATTGGGTTCC  
AAAGCCCTGCTGCTACGTTTGGAGGATTTGGGAATCCCTAATCTTTATATTAATAAATTTCCAAAGGTCACCTCATGGTATCCAAGTTGAGAGAGATAAATGAACAAAGTATGGACGCTCCCTTATGGGATGACTATTAAACCTAAATGGGGTTATCCCGTAAGAATTACGGTAGAGCGG  
TTTATGAATGCTACGTTGGAGGACTGATTTACCAAGATGATGAAAATGTAATCC

### Amino Acid Sequence

ETKASVGFKAGVKDYKLTYYTDPYETKDDILDIAFRVTFPQGVPPPEEAGAVAASSTGTWTTVMTDGLSLDRYKGRCHYIEPVAGEENQIAYVAYPLDLFEEGSVTNMFTSIVGNVFGFKALRALREDLRIPNSYIKTFQPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAV  
YECLRGGDLDFTKDDENVNSX

## matK

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

GTTCAATCCTTCGATACGTAAGAAAGTGTCTCTTCTTCAATTAATGAAATGTTTTATTATTGTAATTGGAATAGTCTTAATTAATCAAGAAATCCATTTCCATTTTTCAAATCAAAAATCAATCCAAAGATTTTTCTGTTCTATATAATTTATATGATGGGAATATGAATAT  
ATCTTTTTTTTTCTACGTAAACAATCTCTCATTACGATTAGAATCTTTTTGCGTCTTTTTGAAGCAATTTATCTGTACAAAATAGAACATCTGTACAAAGTCTGTGATAAAGATTTTTGTTATACCTTATCATTCTCAAGGATCCTTTCATCCATTATGTAGATATCAAGAAAAAT  
CAATTCGGTTTCAAGAATACGCCCTTTTGTGAAATAAATGGAATACTATTTTTATTATTATGCAATGTCATTTTGTGTTGTTCTCAACCAAGGACGATCATATAAATCAATTCACAAATTCATTCACTTTTTGGGATTTTTTAAATATACAGTTAAATCTTTCAGTGGT  
ACGGAGTCAATGTTGCAAAATTCATTCTAATGAAATGTTATGAAAAGCTTGAGACAATAGTCCAATTTCTCTAATAGATCATGATTAAAGCGAAATTTGTAATGATTTGGGGCATCTTATTAGTAGTGGTTGGACCGATTATCCGATTTGATATTATGACCGATTT  
TTGCGGATGAGAGAAATTTTTCTCATTATACACGATCCCAAAAAGAGGAGTTGTATCGAATAAATATATATCTGGCTTCTTGTATTAATAACTTTGGCTCGTAA

### Amino Acid Sequence

FNPSLHKDVSFFHLLRLFYIYNWNSLINSKKSISIFSNKSNPRFFLYNLYWWEYEIFFLRNKSSHLRLESFVLFERYFTCKIEHLVQVQDNFSYTLFFKDPFIHYVRYQKESLVLVSKNTPFLMHWKYYFIYLWQCHFDVWSQPGTIZHINQLSKHSFHLGYFLNIQLNLSVV  
RSQHLQNSFLIEIVMKKLETIVPIILLRSLIKAKFCWLGHPISKSVNTDSSDFDIIDRFLRICRNFSHYNGSSKRRSLYRIKYILRSLCSIKTLARX

## ITS2

### Illustrative Barcode



### Nucleotide Sequence

TGAATRCAGAATCCCTTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTCGCGCCGAAGCCATTAGGCGAGGGCAGCGCTGCTGGGTGTCACAAATGTTGTCACCAAGCCAAAGCTCAAAAAAGGCTTGTGTCGGGGACCATGCTGGCTCCCGGAGCACCCTGCGGTTGGTGGAA  
AACGAGTCCCTCGTGGAGAGCCCATGATAAATGGTGGTGGAGCACCCTCGAGACCAATCATGCGGGCCCTCTCGGGCAGCACTACTGACCTCGCGCTCTCTGGGCTCTAATCAGAGACTCAGGTGAGACGGGGCTACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAGCGGAGGAAAA  
GAAACTAACAGGATTCCTTATAGTAACGCGAGCAGCCGGAAGAGCCACC

### Amino Acid Sequence

Not available

Specimen Details Current

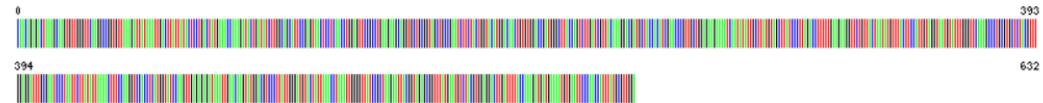
Sample ID: UADY 23271
Process ID: AGMVC013-20
Project: AGMVCV
Tax Names: Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Lonchocarpus, Lonchocarpus punctatus
Taxon: Lonchocarpus punctatus
Rank Name: species
Sampling Protocol: N/A
BIN URI: N/A
Kingdom: Plantae

Marker Summary

Table with 5 columns: Marker Code, Sequence Length, GC, Ambiguous, Trace Count. Rows include rbcl (633, 41.2%, 0%, 2), matK (809, 27.7%, 0%, 2), and ITS2 (431, 57.8%, 0%, 2).

rbcl

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

CAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGTTCAAGGCCGGTGTAAAGATTATAAATGACTTATTATCTCTGACTATGAAACCAAGAGACTGATATCTTGGCAGCATCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTCCCGCTGAAGAAGCAGGTGCTGGGTAGCTGCCGAATCTCTACTGGTAC...

Amino Acid Sequence

TEFKASVGFKAGVKDYKLYTYPDYETKTDILAAFRVTPQGPVPEEAGAAVAESSTGTWTTVWTDGLSLDRYKGRCYHIEPVAGEEQYIAYVAYPLDLFEEGVSVMNFTSIVGNVFGFKALRALREDLRIPNSYIKTFQGPHPHIZQVERDKLNKYGRPLGCTIKPKLGLSAKNYGRA...

matK

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

CTTCGATCTGGATGAAGATGCTCTCTTCTTATTAAAGATTGTTTTATTATTGTAATTGGAATAGTCTTATTAACTCAAGAAATCCATTCATTTTTCAAATTCAAAAGTAATCCAAGATTTTTCTGTTCTATATAATTTATGATATGGGAATGAATATATCTTTT...

Amino Acid Sequence

LRVHMKDVSFFHLRLFYCYNNSLINSKKSISIFSNKSNPRFFLFLYNLYVMEYEIFFLRNKSHLRLESFVLFERIFYCTKIEHLVQVVDKNFSYLSFFKDPFZHVRYQEKSLVSKNTPLMKNKWKYFYIYLWQCHFDWWSQPGTIZHINQLSKHSFNFLGYFLNIQLNLSVVR...

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

TGAATGGCAGAATCCCGGAACCATTGAGTCTTTGAAACGAAGTTGCGCCGAAGCCATAGGCCGAGGGACGCTGCTGGGTGTCAAAATGTTGTCCCAACGCCAACGCATAAAGGCCCTTGTGTGGGGACCATGCTGCTCCCGGAGCACCCTTGGGGTGGTGAAGAACG...

Amino Acid Sequence

Not available

Specimen Details Current

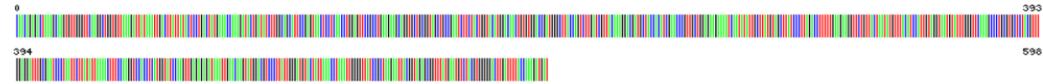
Sample ID: L312-018
Process ID: AGMCV020-20
Project: AGMCV
Tax Names: Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Lonchocarpus, Lonchocarpus yucatanensis
Taxon: Lonchocarpus yucatanensis
Rank Name: species
Sampling Protocol: N/A
BIN URI: N/A
Kingdom: Plantae

Marker Summary

Table with 5 columns: Marker Code, Sequence Length, GC, Ambiguous, Trace Count. Rows include rbcL, matK, ITS2, and trnH-psbA.

rbcL

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

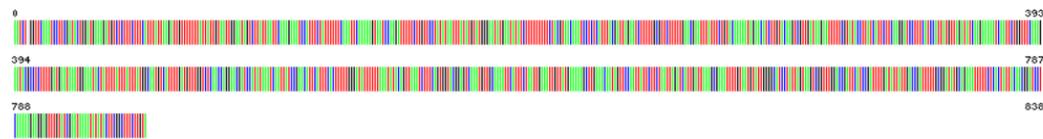
CAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGTTCAAGGCTGGTGTAAAGATTATAAATGACTTATTACTCCTGACTATGAACCAAGATACTGATATCTGGCAGCATTCGAGTAACCTCAACCTGGAGTCCGCTGAAGAAGCAAGTGTGCGGTAGCTGCCAATCTTCTACTGGTAC...

Amino Acid Sequence

TEKASVGFKAGVKDYKLYTYPDYETKDTDLAARVTPQGPVPEEAGAAVAESSTGTWTVWTDGLTSLDRYKGRCHIEPVAGEENQIAYVYPLDLFEEGVSNTMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPNSYIKTFQGPPIHQVQRDKLNKYGRPLLGGCTIKPKLGLSAKNYGRA...

matK

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

AATCT -GGTCAAACTCTCGATCTGGATGAAGAAGTGTCTCTTCTTCAATTAAGATTGTTTTTATTAATGTAATGGAATAGCTTATTAACTCAAGAAATCCATTTCTATTTTCAAAATCAAAAAGTAATCCAAAGATTTTCTGTCTATATAATTTATGTATGGAA...

Amino Acid Sequence

IXVQLRYMMDVDFHLLRFFYYCNMNSLINSKISISIFSNKSNPRFFLFLYNLYVEYEFYFFLRNKSJHLRLESFVLFERIFYCTKIEHLVQVQKVMFSYTLFFKDFPIHYVRYQEKSLVSKNTPLLMNMKYYFYLYLWQCHFDVMSQPGTHINQLSEHSFHLGYFLNIQLNL...

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

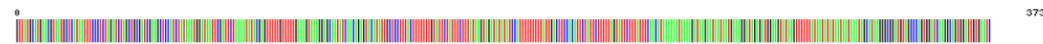
TGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGACGCTGCCTGGGTGTCACAAATGTTGTCACCAACGCCAACGCCGACCCAGCTCGGCGCTGTGCGGGACCATGCTGGCTCCCGCAAGCACCCGCTTGGGTTGGTGA...

Amino Acid Sequence

Not available

trnH-psbA

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GTATGTCATGAAGTAATGCTCATATTTCCCTCTAGATCTAGCTGCGATCGAAGCTCCATATAAATGGAATTCGATCTAAAATACAGAGTTTTGTTTTGAAAGTAAGGAGCAATACACAGAGTACATATTGCTCTTTACTTTTTTGTATCTATTTCTTTATAAGTAGAT...

Amino Acid Sequence

Not available

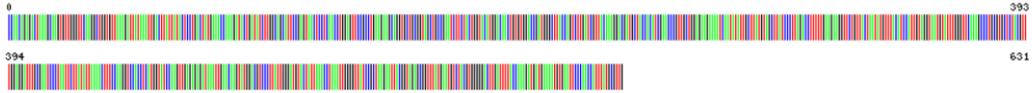
Specimen Details Current

Sample ID: MEXU1156199
Process ID: AGMVC014-20
Project: AGMVC
Tax Names: Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Lonchocarpus, Lonchocarpus yucatanensis
Taxon: Lonchocarpus yucatanensis
Rank Name: species
Sampling Protocol: N/A
BIN URI: N/A
Kingdom: Plantae
rbcl

Marker Summary

Table with 5 columns: Marker Code, Sequence Length, GC, Ambiguous, Trace Count. Rows include rbcl, matK, ITS2, and trnH-psbA.

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

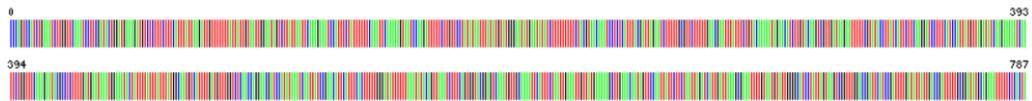
CCAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGTCAAGGCTGGGTAAAGATATAAATGACTATTACTCTGACTATGAACCAAGACTGATATCTGGCAGCATCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTCCGCCTGAAGAAGCAGGTGCTCGGTAGCTGCCGAATCTCTACTGGTACA...

Amino Acid Sequence

PTETKASVGFKAGVKDYKLYTYPDYETKTDILAAFRVTPQGVPPPEAGAAVAEESSTGWTWVTDGLTSLDRYKGRCHIEPVAGEENQYIAYVAPLDLFEESVTHMFTSIVGNVFGKALRALRLEDLRIPNSYIKTFQGPPIHQVERDKLNYGRPLGLCTIKPKLGLSAKINYGRAV...

matK

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

CCCAGTCCATCGAAATCTTGGTCAAACTCTCGATACCTGGATGAAGATGCTCTTTCTTCATTTAAGATGTTTTTATATGTAATGGAATAGTCTTAAATCAAAGAAATCCATTTCTATTTTCAAATCAAAGTAATCCAAGATTTTTCTGTTCCATATAAATTA...

Amino Acid Sequence

PSPSEILVQLRYNMDVSFFHLLRFFYYCNMNSLINSKKSISIFSNKSNPRFFLYLYNLYMEYEYIFFFLRNKSHLRESFVCLFERIYFCTKIEHLVQVVKNFSYTLSFFKDPFIHYRVYQEKSLVSKNPLMLNKWKYFYIYLMQCHFDVNSQPGIHIINQLSEHSFHLGYFLNIQ...

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

TGAATTGCAGAACTCCGTAACCATCGAGTCTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTAGGCCGAGGGCACGCTGCCTGGTGTACAAAATCGTTGCCAACGCAACGCCGACCCAGCTCGGGCGTCTGGGGACCATGCTGGCTCCCGCAAGCACCGCTTGGTTGAAAAAC...

Amino Acid Sequence

Not available

trnH-psbA

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GCATGACGTAATGCTCAATAATTCCTCTAGATCTAGCTGCGATCGAAGCTCCATATAAATGGATAATCGATTCTAAAATACAGTTTTGTGTTTGAAGTAAAGGAGCAATCAACAGAGTACATATGCTCCCTTACTTTTTTGTATTCTATTTCTTATAAGTAGATATATATCC...

Specimen Details Current		Marker Summary				
<b>Sample ID:</b>	MEXU1467380	<b>Marker Code</b>	<b>Sequence Length</b>	<b>GC</b>	<b>Ambiguous</b>	<b>Trace Count</b>
<b>Process ID:</b>	AGMVC003-20	rbcl	632	43.7%	0%	2
<b>Project:</b>	AGMVC	matK	632	31.8%	0%	2
<b>Tax Names:</b>	Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Lysiloma, Lysiloma latisiliquum	trnH-psbA	463	27.6%	0%	2
<b>Taxon:</b>	Lysiloma latisiliquum					
<b>Rank Name:</b>	species					
<b>Sampling Protocol:</b>	N/A					
<b>BIN URI:</b>	N/A					
<b>Kingdom:</b>	Plantae					

rbcl

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

CAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGATCAAGCTGGTAAAGATTATAAATGACTTATTACTCTGACTATGAAACCAAGATAGTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCTCAACTGGAGTCCGCTGAAGAAGCAGGTGCCGGTAGCTGCTGAATCTTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGCTTACCAAGTCTTGATCGTTACAAGGACGATGCTACCACATCGAGCCCTGTGCTGGAGAAGAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTATCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTCGATTGGGTAATGTATTGGGTTCAAGGCCCTGGCGCTCTACGCTGGAAGATTGCGAATCCCTCTTCTTAACTTCAAACTTCCAAGGTCGCGCTCACGGCATCAAAGTTGAGAGAGATAAATGAAACAGTACGGCCGCTCCCTATTGGGATGACTATAAACAAAATGGGGTATCCCGAAGAATACGGTAGAGCGGTTATGAATGCTCCGTTGACTTGAATTTTACCAAGATGATGAGAATGGAATCCCAACCATTTATGCTGTG

Amino Acid Sequence

TETKASVGFKAGVKDYKLYTYPDYETKDSIDLAAFVTPQGVPEEAGAAVAESSTGWTWVHDTGLSLDRYKGRVYIEPVAGEENQYIAYVAYPLDFEESVTVNMFSTIVGNVFGFKALRALRLEDRIPPSYKTFQGPPIHQVERDKLKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAVYECRLRGLDFTKDDENVISQPFHRW

matK

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

ATAGTCTTATTACTCCAAAAAAGGATTTCTACTTTTTCAAAAAGTAACTCAAGATTTTCCCTGTCTATATAATTTTTATGTATGTGAATACGAATCCATCTTTCTTTTCCCGTAATAAATCTTATATTTACGATTAACATCTCTGGAGTCTTTTGAACGAATCTATTTCTATGCAAAAATAGAACATTTTGTAGAAAGTCTTTGATAAGGATTTCCGCCCACTTATGTTCTCAAGGACCTTTCATTCATATGTTAGATATCAAGGAAATCCATCTAGCTCAAAGAAATACGCCCTTTTGGTGAAGAAATGGAATACTATCTTATCCATTTATGGCAATGTCATTTTTTTGTTGGTCTCAACCAGGAAGATCCCTATAAACCAATTCAGCAATTCATTTACTTTTGGCCATTTTTCAAAATGTCGGGTAATCTTCAAGTGTACGGAGTCAAAGGTTGGAAGTCAATTTAATGAAATACTTATGAAATACTTATGAAATACTGATACATAAATCCCAATTTCTCTAAATGATCATTGGCTAAAGCAAAATTTGTAAATGATATAGACATCCCAATTAAGAGCCGCTGGCCGATTCATCCGAT

Amino Acid Sequence

SLITPKRISTFSSKSNPRFFFLYNYFYCEYESIFLFRNKSYYLRLTSSGVFFERIVFYAKIEHFVEVFDKDFPPTLWFFKDFPIHYVRQKSLASLKNPTFLMKKMKYYLILHLQCHFFVWSQPKIPIQLSEHSFYFLAYFSNVRVNPVSVRSQWKEKSFIMENLKKLDTIPIIPLIRSLAKAKFCIVLGHPIKPVWADSSD

trnH-psbA

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

ACGTAATGCTCATAACTCCCTAGACCTAGCTGCGGTTGAGGCTCCAGCTATAAATGGATAAACTTGGTCTAATGTATACGAGTTTTGAACGTAAGGAGCAATAAATTTCTGTCTATCAAGAGGGTTAATATTGCTCTTTACTTTTTAGTAGTTTCATACATCAATTTTGTATTACTTCAACATCTTTACCATTTGTTTAAAGATAAGAAAAAATATTGGAGTTTCATACTTTTGTTGTTTTTACTAATTTATATATGTTTTCTCAGCACTTTCTTATCTTTTGAATGAAAAATAAAAAAATGAGAAATGAATGTTTTAATCTAGTCTATTGTACTTAGAATGAGTAAACCTTCAAATAATGAAAAAAGAAAAATACAAATGGAATCTCTGTAATCTTTAGATAGTATAGGGGCGGATGTAGC

Amino Acid Sequence

Not available

### Specimen Details Current

**Sample ID:** L312-015  
**Process ID:** AGMVC016-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Fabales, Fabaceae, Lysiloma, Lysiloma latisiliquum  
**Taxon:** Lysiloma latisiliquum  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

### Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	541	43.8%	0%	2
matK	837	32%	0%	2
trnH-psbA	489	28.8%	0%	2

### rbcl

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

ATTCAAAGCTGGTGTAAAGATTAAATGACTTATATACTCTGACTATGAAACCAAGATAGTATCTGGGAGCATCCGAGTACTCTCAACCTGGAGTCCCGCTGAAGAAGCAGGTGCCGGGTAGCTGCTGAATCTTACTGGTACATGGACAAGTGTGGACCGATGGGCTTACCAGCTCTGATCGTTACAAAGGACGATGCTACACATCGAGCCGTTGCTGGAGAAGAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTATCCCTTAGACCTTTTGAAGAAGTCTGTTACTAATCATGTTTACTTTCGATTGGGTAATGTATTTGGGTTCAAAGCCCTGGCCGCTCTACGCTGGAGATTGCGAATCCCTCTTATTCTAAACTTCCAGGTCGCTCACGGCATCAAGTTGAGAGAGATAAATGAACAAGTACGGCCGCTCCCTATTGGGATGACTATTAAACCAAATGGGGTTATCCGCGAAGAATTACGGTAGAGCGGTTATGAATG

#### Amino Acid Sequence

FKAGVKDYKLYTYTTPDYETKDSIDINAAFRVTPQPVPEEAGAAVAESSTGTWTTVMTDGLTSLDRYKGRCHYHIEPVAGEENQYIAYVAYPLDLFEEGVSNTNFTSIVGNVGFKALRALRLEDLRIPPSYSKTFQPPHGIQVERDKLNKYRPLLGCTIKPKLGLSAKHYGRAVYEC

### matK

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

TTCGACTGGGTGAAAGATGCTCCTCTTCAATTTAAGGCTCTTCTTATGAGTATTGTAATTGGAATAGTCTTACTCCAAAAAAGGATTTCTACTTTTTCAAAAGTATCCAAGATTTTTCTGTTCCATATAATTTTATGTATGTAATAGCAATCCATCTTCTTTTCCCGTAATAAATCTTATTATTACGTTAAACATCTCTGGAGCTTTTTGAACGAATCTATTCTATGCAAAAATAGAACATTTGTAGAAGTCTTTGATAAGGATTTCCGCCACCCATGGTCTTCAAGGACCCCTTCAATCATTATGTTAGATATCAAGGAAAATCCATTCTAGCTCAAAGAAATACGCCCTTTGATGAAAAATGGAATACTATCCATTTATGCAATGTCATTTTTGTTGGTCTCAACAGGAAAGATCCATATAACCAATATCCGAGCATTCAATTTACTTTTTGGGCTATTTTTCAAATGCGCGCTAAATCCTTCAGTGGTACGGAGTCAAATGTTGGAAAAAGTCAATTTAATGAAAAATCTGATACAAATTTCAATTTATCTCTAATAGATCATGGCTAAAGCAAAATTTGTAATGATTAGGACATCCCATAGTAAAGCCGCTGGGCGGATTCATCCGATTTGAAATTTAGAGGATTTTTCAGATATGACAGATCTTCTCATTATACCAACGGATCTCAAAAAAAGAGTTGTATCGAATCAAATATACTTCGCTTCTGTATTAAACTTTGGCGCGTA

#### Amino Acid Sequence

RYWVDASSFHLRLFLYEYCNWNSLITPKRISTFVSKSNRFFFLFLYNYVCEYESIFLFLRNKSYLRLTSSGVFFERIFYPYAKIEHFVEVFDKDFPPTLWFFKDPFIHYVRYQGSILASKNTPFLMKKNKYLLIHLWQHFVWSQPKIHIQIQLSEHSFYFLGYFSVNRNPSVWRSQHLEKSFIMENLKKLDTIIPILRSLAKAKFCNVLGHPISKVWADSSDFEIERFLQICRDLSHYNGSSKSLYRIKYILRLSCKITLXK

### trnH-psbA

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

GTAATGCTCATAACTTCCCTCTAGACCTAGCTGCGGTTGAGGCTCCAGCTATAAATGGATAAACTTGGCTTAATGTATACGAGTTTTGAACGTAAGAGGCAATAAATTTCTTGTCTATCAAGAGGGTAAATATGCTCCTTACTTTTTAGTAGTTTATCATCAATTTGTATTTACTTCAACATCTTTACCATTGTTTTAAGATAAAGAAAAAATATGGAGTTTCATCTTTTTGTTCTTTTTACTAATTTATTTATATGTTTTCTCAGCAATCTTCTTTATCTTTGAAATGAAAAAATAAAAAATGAGAATGAATGTTTTAATCTAGCTATTGTATCTATAGATGATGAGTAAAACTTCAAATTAATGAAAAAAGAAAGAAATACAAATGGAATCTCTGTAATCTTTAGATAGTATAGGGCGGATGAGCCAGTGATCAGGCGAGTGGATTGTGATC

#### Amino Acid Sequence

Not available

Specimen Details Current

Sample ID: MEXU1474825
Process ID: AGMVC005-20
Project: AGMVCV
Tax Names: Tracheophyta, Magnoliopsida, Sapindales, Anacardiaceae, Metopium, Metopium brownei
Taxon: Metopium brownei
Rank Name: species
Sampling Protocol: N/A
BIN URI: N/A
Kingdom: Plantae

Marker Summary

Table with 5 columns: Marker Code, Sequence Length, GC, Ambiguous, Trace Count. Rows include rbcl (593, 43.7%, 0%, 2), matK (864, 35.3%, 0%, 4), and ITS2 (471, 59.2%, 0.2%, 2).

rbcl

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

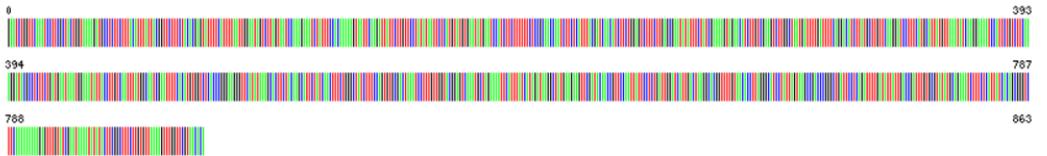
CAACAGAGACTAAAGCAAGTGTGGGATTCAAAGCGGGCGTTAAAGACTATAAATTGACTTATTATACTCTGACTATGTAAACCAAGATACTGATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCTTCTACTGGTAC...

Amino Acid Sequence

TETKASVGFKAGVKDYKLTYYTPDYVTKDIDLAAFRVTPQGPVPEEAGAAVAESSTGTMVTDGLTSLDRYKGRYNIIEPVAGEENQYICVYVPLDLFEEGVSVMHFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLRIPTAYTKTFQGPPIHQVERDKLNKYGRPLLGIKPKLGLSAKNYGRA...

matK

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GAACTGGTCAAACTCTCGCTACTGGTAAAGAGTGCCTCTCTTTACATTTATTACGTTCTTTCTACAGCATTTTTTCATTTAATTGGAATAGTCTTAGTAATCCAAAGAAATCTATTTCCACAAAAGTAATTCAAGATTACTTGTCTATATAATTCTCATGTATGTAATATGAA...

Amino Acid Sequence

ESGNSPLLVKDDASLHLLRFFLHEYFHFNMNLSNPKKSIKSNRFLFLYNHVEYESIFFFLRNQSSHLRSTSSGVFLERIFYRKHVELHVELANDPDFQDILCLFKDPFHVYKYGKSLSSKDTPLMNMKWKYLVNLMQSNFHMWHPGRVHIKHFYKHSINFLGYLSSVRLNPL...

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GTGTGAATTGCAGAAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCTAAGCCACTAG6CCGAGGGCAGCTGCTGGGTGTCAGCATCGTTGCCCTCCCCGACATCGACTCCGGTCTRAATGTTGTGGCGGTGG6CGGAAATGGCTCCCCTGAGCCTGCGCGGTTGGCCC...

Amino Acid Sequence

Not available

### Specimen Details Current

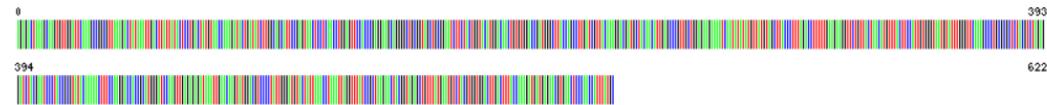
**Sample ID:** UADY23269  
**Process ID:** AGMVCV006-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Magnoliopsida, Sapindales, Anacardiaceae, Metopium, Metopium brownei  
**Taxon:** Metopium brownei  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

### Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	623	43.3%	0%	4
matK	858	35.3%	0%	4
ITS2	468	59%	0%	2

### rbcl

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

AGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTCAAAGCCGGCTAAAGACTATAAATTGACTTATTATACTCTGACTATGTAACCAAGATACTGATATCTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAACCTGGAGTCCACCCGAGGAAGCAGGGGCTGCGGTAGCTGCGGAATCTTCTACTGGTACATGG  
ACAACCTGTGTGGACCGATGGCTTACCAGCCTTGATCGTTACAAGGACGATGCTACAACATTGAGCCCGTGTGGAGAAAGAAATCAATATATATGTTATGAGCTTACCCTTAGACCTTTTGAAGAAAGTTCTGTACTAACATGTTACTTCCATTGGGTAAATGATTTGGGTTCA  
AAGCCCTGCGCGCTCTACGCTAGAGGATCTACGAATCCCTACCCTGATACAAAACTTTCCAAGGACCACCCGATGGGATCCAAGTTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTATGGACGCTCCCTATTGGGATGATCTTTAAACCTAAATAGGTTTATCCCGTAAGAACACGGTAGAGCTGT  
TTATGAATGCTACGTTGGTACTGACTTTACCAAGATGATGAGAAGCTGAACTCCCAACCATTTATGC

#### Amino Acid Sequence

ETKASVGFKAGVDYKLYTYTPDYVTKDIDLAAFRVTPQGVPEEAGAAVAEESSTGHTTVMTDGLTSLDRYGRRCYNIPEVAGEENQYICVYVPLDLFEEGVSVTNMTSIVGNVFGKALRALREDLPTAYTKTFQPPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKINRGRAV  
YECLRGGDFTKDENVNSQPFMX

### matK

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

GAATCTTGGTCAAATCCTCGCTACTGGTAAAGATGCCCTCTCTTACATTTATTACGGTCTTTCTACAGAGTATTTTCAATTTAATGGAAATGCTTAGTATCCAAAGAAATCTATTTCCAAAAAGTAATCAAGTATTCTTGTCTTATAAATCTCATGTATGTAATA  
TGAATCCATCTCTTTTTCTCGGCAACCAATCTCTCATTACGATCAACATCTCTGGAGTCTTTCTGAGCGAATATATTTCTGAAAAGTAAAGCACTTGTGCAAGTCTTGGCTAATGATTTGATTTTCAGGACATCTTATGCTGTTCAAGGATCCTTTCTATGCAATATGTTAA  
TATCAAGGAAATCCATCTGCTTCAAAGGATACGCTCTCTGTGAATAAATGGAATATTACCTGTCAATTTATGGCAATCGAATTTACATGTTGGTCTCACCCGGGAGGGTTCATATAAGCACCTTACAAGCATCTATCAACTTTCTGGCTATCTTTCCAGTGTGGACTAA  
ATCCTTTGTGGTACGGAGTCAAATGCTAGAAATTCATTTATCATAGATAAGGCTATGAAGAAATCGATACACCGTTCAAATTTCTCTGATTGGATCATTGACTAAGGACGAGTTTGTAAACCTTAGGACATCTATTAGTAAAGCCGACCCGGGCTGATCTCAGATTTGATAT  
TATTGACGATTTGTGCTATGTCAGAAATCTTCTCATATCACAGCGGCTCTCAAAAAAAGAGTTGTATCGAATAAATATTAATCTTGGCTCTCTGTGTTAAAAGTTGGTTC

#### Amino Acid Sequence

ILVQILRYMVKDASSLHLRFFLHEYFHFNNISLMPKKSISTKSNRSLFLYNSHYCEYESIFFLLRNQSHLRSTSSGVFLERIFYRKYVHLEVLVDFQDILCLFKDFPMHYVKYQGSILSKDPTLLMKNKYYLVNLHNSFHMMSHPGRVHIKHYKHSINFLGYLSSVRLN  
PLLVRSGMLENSFIIDKAMKKFDTPVIPLIGSLTKARFNTLGHPIKPTRADSSDFIIDRFVIRCRNLSHYHSGSSKSLYRIKYLRLSCVKSLVX

### ITS2

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

TTAATTGAGAAATCCCGTGAACATCGAGCTTTGAACGCAAGTTCGCCCTAAGCCACTAGGCCGAGGGACGTCTGCTGGGTGACAGCATGTTGCCCTCCCCGACATGACTCCGGTCTAAATGTTGTGGCGGTGGGCGGAAATGGCTCCCGTGAAGCTGCGCGGTGGCCCA  
AATCCGAGTCTCGGTGACGCTCCCGGCAATCGGTGGCTTGAAGCAGAACCTAGTGTCTCTGTCGCGGCTCGCGCCCTACCTGTCGACGACTCTCGACCTTATAGAGCGTGGTGAAGCAGGCTCGATCGCAGCCCAAGGTCAGGCGGGATACCCGCTGAGTTAAGCATATCAAT  
AAGCGGAGGAAAGAACTTACCAGGATTCCTTAGTAAACGCGAGCGAACCGGGAAGAGCCAGCTGAGAAATCGGGCTGCTGACGCTCGAATTTGA

#### Amino Acid Sequence

Not available

Specimen Details Current		Marker Summary				
<b>Sample ID:</b>	L312-017	<b>Marker Code</b>	<b>Sequence Length</b>	<b>GC</b>	<b>Ambiguous</b>	<b>Trace Count</b>
<b>Process ID:</b>	AGMCMV018-20	<i>rbcL</i>	521	44%	0%	2
<b>Project:</b>	AGMCMV	<i>matK</i>	n/a	0%	0%	0
<b>Tax Names:</b>	Tracheophyta, Magnoliopsida, Sapindales, Sapindaceae, Thouinia, Thouinia paucidentata	<i>ITS2</i>	482	61.6%	0%	2
<b>Taxon:</b>	Thouinia paucidentata	<i>trnH-psbA</i>	384	34.1%	0%	2
<b>Rank Name:</b>	species					
<b>Sampling Protocol:</b>	N/A					
<b>BIN URI:</b>	N/A					
<b>Kingdom:</b>	Plantae					

rbcL

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

AAGATTATAAATGACTTATTATACCTGACTATGTAACCAAGATACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACCTCAACCCGGGTTCCGCCCGAAGGAGCGGGCCGGTACGCTGCGGAATCTTCTACTGGTACATGGACAACCTGTGTGGACCGATGGGCTTACTAGCCTTGATCGTTACAAGGACGATGCTACAACATTGAGCCTGTGGGAGAGAAAATCAATATATATGTTATGAGCTACCCCTTGGACCTTTTGAAGAAGGTCTGTTACTAACATGTTACTCCATTGTAGTAATGATTTGGGTTTAAAGCCTTGCAGCCTACGCTCTAGAGGATCTACGAGTCCCTCTGCGTATCGAAACTTTTCAAGGCCCTCACGGCATCCAAGTTGAGAGAGATAAATTGAACAAGTATGGAGCTCCCTATTGGGATGACTATTAACAACAAATGGGATTATCCGCTAAGAACAACGCTCGAGCGGTTATGAA

Amino Acid Sequence

DYKLTYYTPDYVTKDIDLAAFRVTPQGVFPEEAGAAVAESSTGTWTVVTDGLTSLDRYKGRYNIIEPVAGEENQYICYVAYPLDLFEEGVSINMFTSIVGNVFGFKALRALRLEDLVRPPYSKTFQGPPIHQVERDLNKYGRPLLGCITXPKLGLSAKMYGRAVVE

ITS2

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

GTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCAGGCTTTGAACGCAAGTTGCGCCGAAGCCATTAGGTCGAGGGCAGCTGCTCGTGGGTGTCAGCAGTGTGCCCCCTCCCAACGAGCCACACCTCTCGTGCAGCCGTTCCGGTAGGGACGGATACTGGCTCCCGTGGGAACACGCTCTCGCGTTGGCCGAAATACGGGTCTCGGAAGCGAAGCCGCGACGTTCCGGTGGTGAATAGCAAGGAAACCTCAGAGCTCTCGTGCAGCCCGCCGCTCCACGGGCTCGACAGCCTGAGCGAGCTTCTCATCGAGGACGACGATCGGACCCAGGTCAGGGCGGATCACCCGCTGAGTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAGAACTTACAGGATTCCTAGTAAAGGCGAGCGAACCGGGAAGGCGCAGCTTGAGAAATCGAGCTCCGCGACGCTCGAATTGTA

Amino Acid Sequence

Not available

trnH-psbA

Illustrative Barcode



Nucleotide Sequence

AGTAATGCTCATAACTCCCTCTAGATTGGCTGCTATTGAAGCTCCATCAACAATGGATAAGATTTCCATCTTGTGTACGAATTTTGAATAACGGAGCAATGCCGATTTTCCAGAAGTTGGTATTGCTCGGTTATTTAGGTTTTTTTCCAGTCATATTATTATTTGGTTTAGAGTCAATTTCAATGTAAATTTAATAAAAAATATAAAAAAGGATGGGATTTCTGCCGAATTAGGTAAGATAAAAAAGGAATCATCAAAAAGATGATTAATGGTAAATGCACTCTTTGGGCGGGAATTTTCAAGAAGTAGGGGCGGATGATGCAAGTGGATCAAGGAGTGGATTGTGA

Amino Acid Sequence

Not available

## Specimen Details Current

**Sample ID:** MEXU625022  
**Process ID:** AGMVC009-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Liliopsida, Arecales, Arecaceae, Thrinax,  
Thrinax radiata  
**Taxon:** Thrinax radiata  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

## Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	607	42.7%	0%	2
matK	868	33.3%	0%	4
trnH-psbA	675	29.6%	0.1%	2

rbcl

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

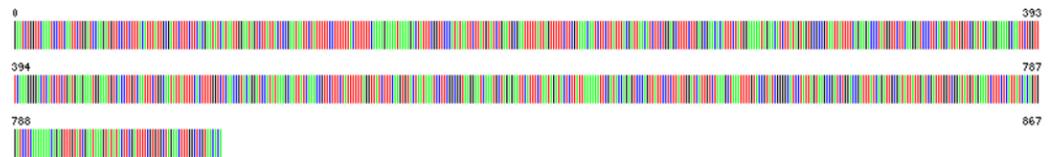
AGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTAAAGCTCGGTAAAGATTACAAATGACTTATTACTCTGACTACGAACCAAGACTGATATCTTGGCAGCATTCCGAGTAACTCTCAACCGGAGTCCGCCTGAGGAAGCAGGGCAGCGGTAGCTGCCGAATCTTACTGGTACATGG  
ACAACCTGTGGACTGATGGACTTACCAGCTTGTATGCTTACAAAAGCAGATGCTACCACATCGAAACCGTGTCTGGGGAGGAAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTATCCTTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTACTAACATGTTTACTCCATTGGGTAATGTATTGGTTTCA  
AAGCCCTACGAGCTACGCTCTGGAGGATCTGCGAATCCCACCTCTTATCCAAAACCTTCCAAGGTCGCTCTATGGCATCCAAGTTGAAAGAGATAAGTTGAACAAGTATGGTCTCTCTATTGGGATGACTATTAACCAAAAATGGGATTATCCGCAAGAACTACGCTAGACGGT  
TTATGAATGCTACGCGGTGGACTGATTTTACCAAGGATGAAAAACGTGAAC

## Amino Acid Sequence

ETKASVGFKAGVKDYKLYTYYPDYETKDTDLAARFVRPQGVPPPEEAGAAVAESSTGTVTVMTDGLTSLDRYGRGRCYHIEVVEENQYIAYVAYPLDLFEEGSVTFNMTSIVGNVFGFKALRALRLLEDLRIPTSYSKTFQGPPIHQIQRDLKMKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKNYGRAV  
YECLRGGDLDFTKDENWN

matK

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

GAATCTGGTCAAACTCCTCAATCTGGATCAAGATGTTCCCTCTTACATTTATTGGGATCTTTCTCACGAATATAAATGGAAATAGTCTTATTACTCCGAATAATCTATTTTCTTTTACTTTTTTCAAAAGAAAATAAAGACTATTTCCGTTCCCATATAATCTTATGTA  
TCTGAATGCGAATTTTATTAGTTTCTTCTGTAACAATCTTCTTATTAGATTAACTCTCTGGAGCTTTCTTGGAGCAACATCTTATGAAAAATAGAACATCTATAGTAGTGCAGCGTAATATTTTCAGAAAGACCTATGGTCTTCAAGGATCCCTCATGATTATGTTT  
GATATCAAGGAAAAGCAATCTGGTTTCAAAAGGGGACTCATCTTCTGATGAAGAAATGGAAATGTCACCTTGTCAATTTCTGGCAATATTATTTTCACTTTTGGTCTCAACCGTACAGGATCCATATAAAGCAATATCAAAACCGTCTCTTCTATTTTATAGTTATCTTTCAAGTGTACTAAT  
AAATCCTCGGCGGTAAAGAAATCAATGCTAAGAAATCATTCTAATAGATACTCTTATTAATAAATCGATACCAGAGTCCCAGTATTCTCTTATTGGATCATTGTCTAAAGCTAAATTTGTACCGTATCGGGGATCCTATTAGTAAGCCGATCTGGACGATTTATCAGATTGCGAT  
ATTTATGATCGATTTGGTGGATATGTAAGATCTTCTCATTATCACAGTGGATCCTCAAAAAACAGAGTTGTATCGAATAAAGTATATCTGATTTTGGTGTCTGACTAAGCTTTGGCTCGTAACACA

## Amino Acid Sequence

NLVQILQFHIQDVPVSLHLRFLFHEYHNNISLITPNNISIFPFLFSKENKRLFPPYNSVYSECFLLVFLRKQSSYLRLLTSSGAFLETRHFYKIEHLIVRRNYFQKTLNFFKDPFHVYRQKAILVSKGTHLMMKKWKCHLVNFHQYFHFHSQPYRIHIKQLSNRSFYFLGVLSSVLI  
NPSAVRNQMLENSFLIDTLIKKFDTRVPIVPLIGLSLAKKFTVSGHPISKPIHTLSDCDIIDRFGRICRNLNHSYHSGSKQSLYRIKYLRFSCARTLARNT

trnH-psbA

## Illustrative Barcode



## Nucleotide Sequence

GCTGTCAAGTCCATCTATAAATGGTAAGACTTTGTCTTAGTGTATATGAATCGTTGAAGAAATGGAGCAATACCAATATCTGTTTATTAGTGGGATTTGCTCCATGTTGATTCAATAGTGTGTCACATAACACATAAATAGTAAATAGTAAGTACTTTTTTTAT  
TTTTTTTTTTTTGAAATTTCTTCTATTTTATTCTATTAATAATATTTCTATTAATTTAATATCAAAAAATATGAAAAATTAACAAGGAGATTTATTGCTTTCTGATGTCTCGCGAAAGTCAGAGTAGGCGGAAATCTCCCAATTTGTGACCTACCATAC  
GATCTGTTATATAAATAGTAAATTTTCTTCCATTATGAATAGCGATTGATGGCCAATCATTGGGGTATAAATGGTAGATGCCGAGACCAAGTACTATATTTCTTCTCCCTCATGTTGAGTTTTCAATTTTTCCCGATAAATGATGACTACAAAAGGATTTTTTTTAGTGA  
ACGTGTACAGCTGATTTACTCTTTTTTACATTTTAAAGATTGGCAATCTATGCTCAATATCTCGATCAAGTATGGAGTCCGAAATAACATAATGATGAATGAAAAAAGAGAAA

## Amino Acid Sequence

Not available

### Specimen Details Current

**Sample ID:** L312-006  
**Process ID:** AGMVC019-20  
**Project:** AGMVCV  
**Tax Names:** Tracheophyta, Liliopsida, Arecales, Areceaceae, Thrinax, Thrinax radiata  
**Taxon:** Thrinax radiata  
**Rank Name:** species  
**Sampling Protocol:** N/A  
**BIN URI:** N/A  
**Kingdom:** Plantae

### Marker Summary

Marker Code	Sequence Length	GC	Ambiguous	Trace Count
rbcl	630	42.7%	0%	4
matK	822	32.6%	0%	2
trnH-psbA	n/a	n/a	n/a	2

### rbcl

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

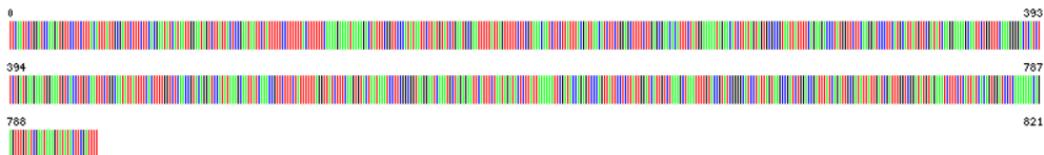
CAGAGACTAAAGCAAGTGTGGATTAAAGCTGGTGTAAAGATTACAAATTGACTTATTATACTCTGACTACGAAACCAAGATAGTATCTGGCAGATTCCGAGTAACTCCTCAACCCGGAGTCCGCCGAGGAAAGCAGGGGACGCGTACTGCCGAATCTCTACTGGTACATG  
GACAACTGTGTGGACTGATGGACTTACAGTCTTGTATCGTTACAAGGACGATGCTACCACATCGAAACCGTGTGGGGAGGAAATCAATATATTGCTTATGTAGCTTATCCTTTAGACCTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACTAACATGTTTACTTCCATTGTGGGTAATGATTTGGTTTC  
AAAGCCCTACGAGCTACGCTCTGGAGGATCTGCGAATTTCCACTTCTTATCCAAACTTCCAAAGGTCGCGCTCATGGCATCCAAGTGAAGAGAGATAAGTTGAACCAAGTATGGTCGCTCTATTGGGATGTACTTAAACCAAAATGGGATATCCGCAAGAACTACGGTAGAGCGG  
TTTATGAAATGCTACGCGGTGGACTGATTTTACCAAGGATGATGAAACGTAAGTCAACCACTTATGGCTTGA

#### Amino Acid Sequence

ETKASVGFKAGVKDYKLYTYPDYETKDDTDLAARFVTPQGPVPEEAGAAVAESSTGTHVWTOGLTSLDRYKGRCHYIEIVGVEENQYIAYVYPLDLFEEGVSNTMFTSIVGNVFGKALRALRLEDLRIPTSYSKTFQGGPHGIQVERDKLNKYGRPLLGCTIKPKLGLSAKINYGRAV  
YECLRRGLDFTKDDENVNSQPFHRWX

### matK

#### Illustrative Barcode



#### Nucleotide Sequence

TTCAATCTGGATCAAGATGTTCTTCTTACATTATTGCGATTCTTCTTACGAAATACATAAATGGAATAGTCTTATTACTCCGAATAATCTATTTTCTCTTTTACTTTTTCAAAAGAAAAAAGAACTATTCCGTTCCCATATAATCTTATGATCTGAATGCGAATTTT  
ATTAGTTTTCTCTGTAACAATCTTCTTATTACGATTAAACATCTCTGGAGCTTTCTTGAAGCAACACATTTCTATGGAAAAATAGAATCTTATAGTAGTGGCCGTAATATTTTTCAGAAACCCTATGGTCTTCAAGGATCCCTCATGCATTATGTTGATATCAAGGAAAAAGCA  
ATTCGGTTTCAAAGGGGACTCATCTCTGATGAAGAAATGGAATGTACCTTGTCAATTTCTGGCAATATTATTTTCACTTTTGGTCTCAACCGTACAGGATCCATATAAGCAATTAACAAACCGTCTTCTTCTATTTTAAAGTATCTTCAAGTGTACTAATAAATCTTCGGCGGTA  
GGAATCAAAATGCTAGAGAATTCATTTCTAATAGATACTTATTAAAAATTCGATACAGAGTCCCAGTATTCTCTTATTGGATCTTAAAGTAAATTTGTACCGTATCGGGGATCCCTATTAGTAAGCCGATCTGGACCGATTTACAGATGCGATATTATGATCGATTGG  
TCGGATATGAGAAATCTTCTCATTATCACAGTGGATCTCAAAAAACAGAGTTGTATCGAATAAGATATACTTCGATTT

#### Amino Acid Sequence

QFWIQDVPSLHLRFLHEYHNMNLSITPNNSIFPFLFSKENKRLFRFPYNSVYSECEFLVFLRKQSSYLRLTSSGAFLETRHFYKIEHLIVRRNYFQKTLWFFKDPFMHYRVYQKAILVSKGTHLLMKKWKCHLVNFQWYFHFMSQPYRIHIKQLSNRSFYFLGYLSVLIINPSAVR  
NQMLENSFLIDTLIKKFDTRVPIPLIGLSLAKAKFTVSGHPISKPIINTLSDCOIIDRFGRICRNLSHYHSGSKKQSLYRIKYLRFX

## ANEXO 4. ANÁLISIS BLAST PRELIMINAR DE LAS SECUENCIAS CONSENSO

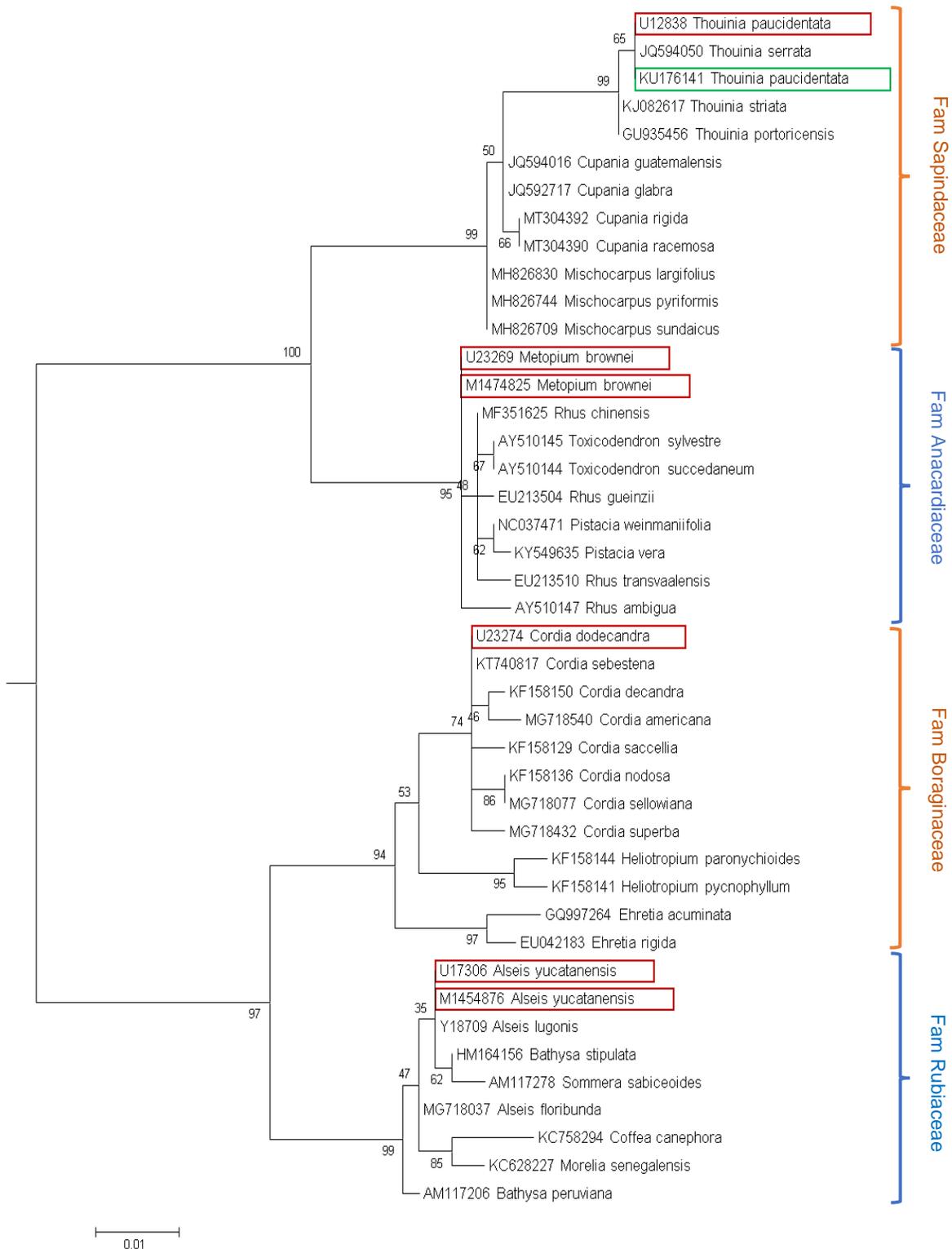
Nombre	Gen marcador	Resolución a nivel de:	ID	Descripción	Score máximo	% Cobertura	Valor E	% Identidad	Acceso NCBI
<b><i>Erythroxyllum areolatum</i></b>	<i>rbcL</i>	Especie	UADY: 23271	<i>Erythroxyllum areolatum</i>	1142	99%	0	99.37%	<a href="#">JX664044.1</a>
			MEXU:1182551	<i>Erythroxyllum areolatum</i>	894	99%	0	92.88%	<a href="#">JX664044.1</a>
	<i>ITS2*</i>	Género	UADY: 23271	<i>Erythroxyllum novogranatense</i>	715	98%	0	95.55%	<a href="#">MF972945.1</a>
			MEXU:1182551	<i>Erythroxyllum novogranatense</i>	715	96%	0	95.55%	<a href="#">MF972945.1</a>
<b><i>Lysiloma latisiliquum</i></b>	<i>rbcL</i>	Especie	UADY: 21962	<i>Lysiloma latisiliquum</i>	994	100%	0	99.82%	<a href="#">MH549908.1</a>
			MEXU:1467380	<i>Pithecellobium flexicaule</i>	1160	99%	0	99.84%	<a href="#">KX852444.1</a>
	<i>matK</i>	Género	UADY: 21962	<i>Lysiloma candidum</i>	1530	100%	0	99.64%	<a href="#">KX302335.1</a>
			MEXU:1467380	<i>Lysiloma latisiliquum</i>	1140	100%	0	99.21%	<a href="#">MH621516.1</a>
	<i>trnH-psbA</i>	Familia	UADY: 21962	<i>Pararchidendron pruinatum</i>	850	99%	0	98.16%	<a href="#">KX852441.2</a>
			MEXU:1467380	<i>Pararchidendron pruinatum</i>	806	100%	0	98.06%	<a href="#">KX852441.2</a>
<b><i>Croton reflexifolius</i></b>	<i>rbcL</i>	Género	UADY: 23281	<i>Croton tigilium</i>	1118	100%	0	98.88%	<a href="#">NC_040113.1</a>
			MEXU:1445931	<i>Croton niveus</i>	1090	100%	0	100.00%	<a href="#">EF405847.1</a>
	<i>ITS2*</i>	Género	UADY: 23281	<i>Croton lachnocarpus</i>	604	97%	8.00 E-169	92.20%	<a href="#">MH813083.1</a>
			MEXU:1445931	<i>Croton lachnocarpus</i>	593	96%	2.00 E-165	91.74%	<a href="#">MH813083.1</a>
<b><i>Alseis yucatanensis</i></b>	<i>rbcL*</i>	Género	UADY: 17306	<i>Alseis floribunda</i>	1136	98%	0	99.68%	<a href="#">MG718037.1</a>
			MEXU:1454876	<i>Alseis floribunda</i>	1142	98%	0	99.84%	<a href="#">MG718037.1</a>
	<i>matK*</i>	Familia	UADY: 17306	<i>Hippotis triflora</i>	1483	99%	0	98.01%	<a href="#">KJ815660.1</a>
			MEXU:1454876	<i>Alseis peruviana</i>	1260	100%	0	99.28%	<a href="#">FJ905332.1</a>
<b><i>Thouinia paucidentata</i></b>	<i>rbcL</i>	Especie	UADY: 12838	<i>Thouinia paucidentata</i>	961	99%	0	100.00%	<a href="#">KU176141.1</a>
	<i>ITS2</i>	Especie		<i>Thouinia paucidentata</i>	627	70%	2.00 E-175	99.71%	<a href="#">KX584973.1</a>
	<i>trnH-psbA*</i>	Género		<i>Thouinia brachybotrya</i>	647	95%	0	98.63%	<a href="#">HG963777.1</a>
<b><i>Metopium brownei</i> Sin. <i>Rhus metopium</i></b>	<i>rbcL*</i>	Género	UADY: 23269	<i>Rhus chinensis</i>	1140	100%	0	99.68%	<a href="#">MF351625.1</a>
			MEXU:1474825	<i>Rhus chinensis</i>	1068	99%	0	99.16%	<a href="#">MF351625.1</a>
	<i>matK</i>	Género	UADY: 23269	<i>Rhus aromatica</i>	1483	99%	0	97.80%	<a href="#">AY594494.1</a>
			MEXU:1474825	<i>Rhus aromatica</i>	1480	99%	0	97.48%	<a href="#">AY594494.1</a>
	<i>ITS2</i>	Género	UADY: 23269	<i>Rhus coriaria</i>	621	99%	9.00 E-174	91.03%	<a href="#">KM210330.1</a>
			MEXU:1474825	<i>Rhus coriaria</i>	630	100%	1.00 E-176	91.12%	<a href="#">KM210330.1</a>

\*No existen secuencias disponibles en GenBank ni BOLD SYSTEMS del marcador en esta especie

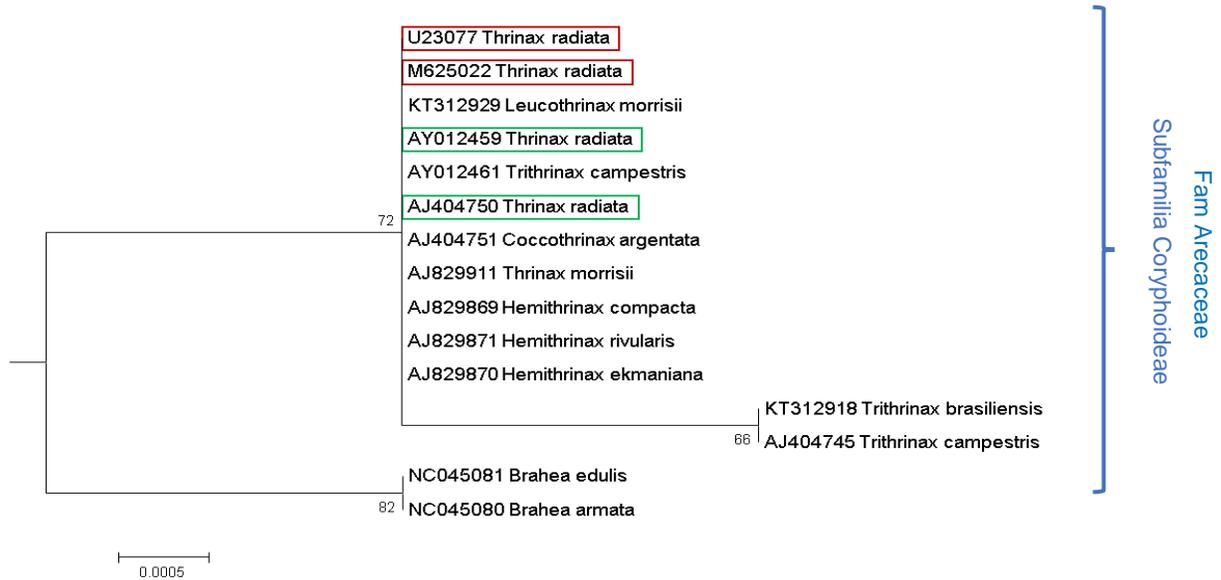
Nombre	Gen marcador	Resolución a nivel de:	ID	Descripción	Score máximo	% Cobertura	Valor E	% Identidad	Acceso NCBI
<b><i>Thrinax radiata</i></b>	<i>rbcL</i>	Especie	UADY: 23077	<i>Thrinax radiata</i>	1164	100%	0	100.00%	<a href="#">AY012459.1</a>
			MEXU:625022	<i>Thrinax radiata</i>	1122	100%	0	100.00%	<a href="#">AY012459.1</a>
	<i>matK</i>	Especie	UADY: 23077	<i>Thrinax radiata</i>	1519	100%	0	100.00%	<a href="#">AM114561.1</a>
			MEXU:625022	<i>Thrinax radiata</i>	1591	99%	0	99.77%	<a href="#">AM114561.1</a>
	<i>trnH-psbA*</i>	Género	MEXU:625022	<i>Thrinax excelsa</i>	889	100%	0	99.79%	MK756617.1
<b><i>Cordia dodecandra</i></b>	<i>rbcL*</i>	Género	UADY: 23274	<i>Cordia sebestena</i>	1151	100%	0	100.00%	<a href="#">KT740817.1</a>
	<i>matK*</i>	Género		<i>Cordia trichotoma</i>	1471	99%	0	98.67%	<a href="#">EU599651.1</a>
	<i>ITS2*</i>	Género		<i>Cordia subcordata</i>	750	90%	0	96.29%	<a href="#">MK304500.1</a>
	<i>trnH-psbA*</i>	Género		<i>Cordia bordasii</i>	680	100%	0	98.70%	<a href="#">JF427966.1</a>
<b><i>Caesalpinia yucatanensis</i></b>	<i>rbcL*</i>	Género	UADY: 23273	<i>Caesalpinia calycina</i>	1151	99%	0	99.53%	<a href="#">AM234236.1</a>
	<i>ITS2*</i>	Especie		<i>Caesalpinia yucatanensis</i>	435	68%	1.00 E-117	94.62%	<a href="#">KX372900.1</a>
	<i>trnH-psbA*</i>	Género		<i>Caesalpinia hughesii</i>	689	100%	0	92.40%	EF177398.1
<b><i>Caesalpinia gaumeri</i>, <i>Poincianella gaumeri</i>, <i>Cenostigma gaumeri</i>, <i>Erythrostemon gaumeri</i></b>	<i>rbcL*</i>	Género	UADY: 23272	<i>Erythrostemon gilliesii</i>	1146	99%	0	99.52%	<a href="#">NC_045296.1</a>
	<i>matK*</i>	Género		<i>Cenostigma gardnerianum</i>	1491	100%	0	99.27%	<a href="#">KU245654.1</a>
	<i>ITS2</i>	Especie		<i>Poincianella gaumeri</i>	568	68%	1.00 E-157	99.05%	<a href="#">KP003692.1</a>
	<i>trnH-psbA*</i>	Género		<i>Caesalpinia eriostachys</i>	749	94%	0	97.93%	<a href="#">EF177403.1</a>
<b><i>Lonchocarpus longistylus</i></b>	<i>rbcL*</i>	Género	UADY: 23271	<i>Lonchocarpus hermannii</i>	1110	96%	0	99.35%	<a href="#">AB045809.1</a>
			MEXU:1268971	<i>Lonchocarpus sericeus</i>	1085	97%	0	99.33%	<a href="#">KF724320.1</a>
	<i>matK*</i>	Género	UADY: 23271	<i>Lonchocarpus sericeus</i>	1483	100%	0	99.75%	<a href="#">KX816375.1</a>
			MEXU:1268971	<i>Lonchocarpus sericeus</i>	1515	100%	0	99.76%	<a href="#">KX816375.1</a>
<b><i>Lonchocarpus yucatanensis</i></b>	<i>rbcL*</i>	Género	UADY: 14849	<i>Lonchocarpus hermannii</i>	1064	96%	0	99.83%	<a href="#">AB045809.1</a>
			MEXU:156199	<i>Lonchocarpus hermannii</i>	1112	96%	0	99.67%	<a href="#">AB045809.1</a>
	<i>matK*</i>	Género	UADY: 14849	<i>Lonchocarpus santarosanus</i>	1522	100%	0	99.40%	<a href="#">JX506613.1</a>
			MEXU:156199	<i>Lonchocarpus santarosanus</i>	1430	99%	0	99.62%	<a href="#">JX506613.1</a>
	<i>ITS2</i>	Especie	UADY: 14849	<i>Lonchocarpus yucatanensis</i>	678	80%	0	100.00%	<a href="#">KJ411706.1</a>
			MEXU:156199	<i>Lonchocarpus yucatanensis</i>	675	80%	0	100.00%	<a href="#">KJ411706.1</a>
	<i>trnH-psbA*</i>	Género	UADY: 14849	<i>Lonchocarpus santarosanus</i>	542	90%	5.00 E-150	95.36%	<a href="#">JX506556.1</a>
MEXU:156199			<i>Lonchocarpus santarosanus</i>	547	92%	1.00 E-151	95.65%	<a href="#">JX506556.1</a>	

\*No existen secuencias disponibles en GenBank ni BOLD SYSTEMS del marcador en esta especie

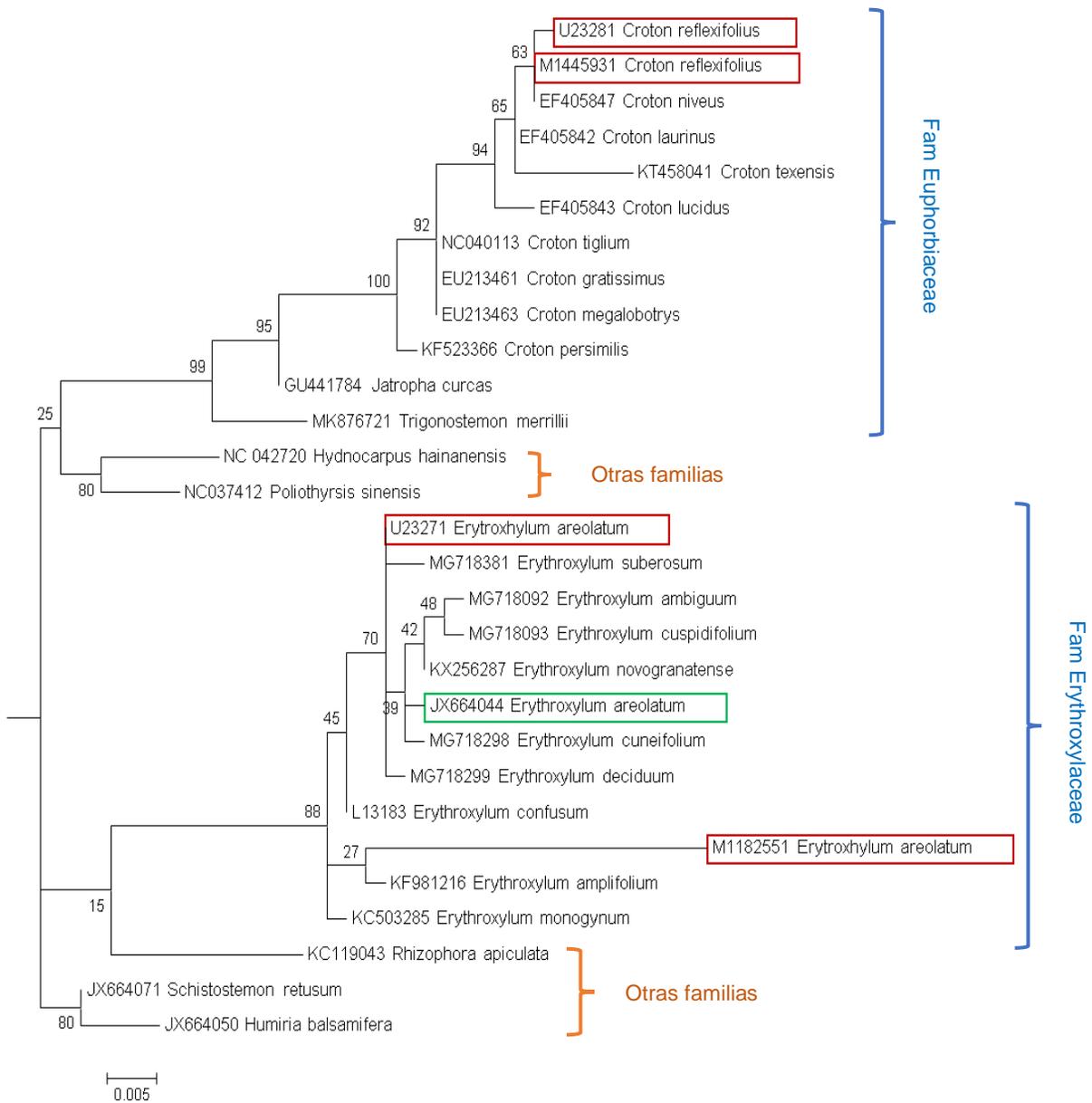




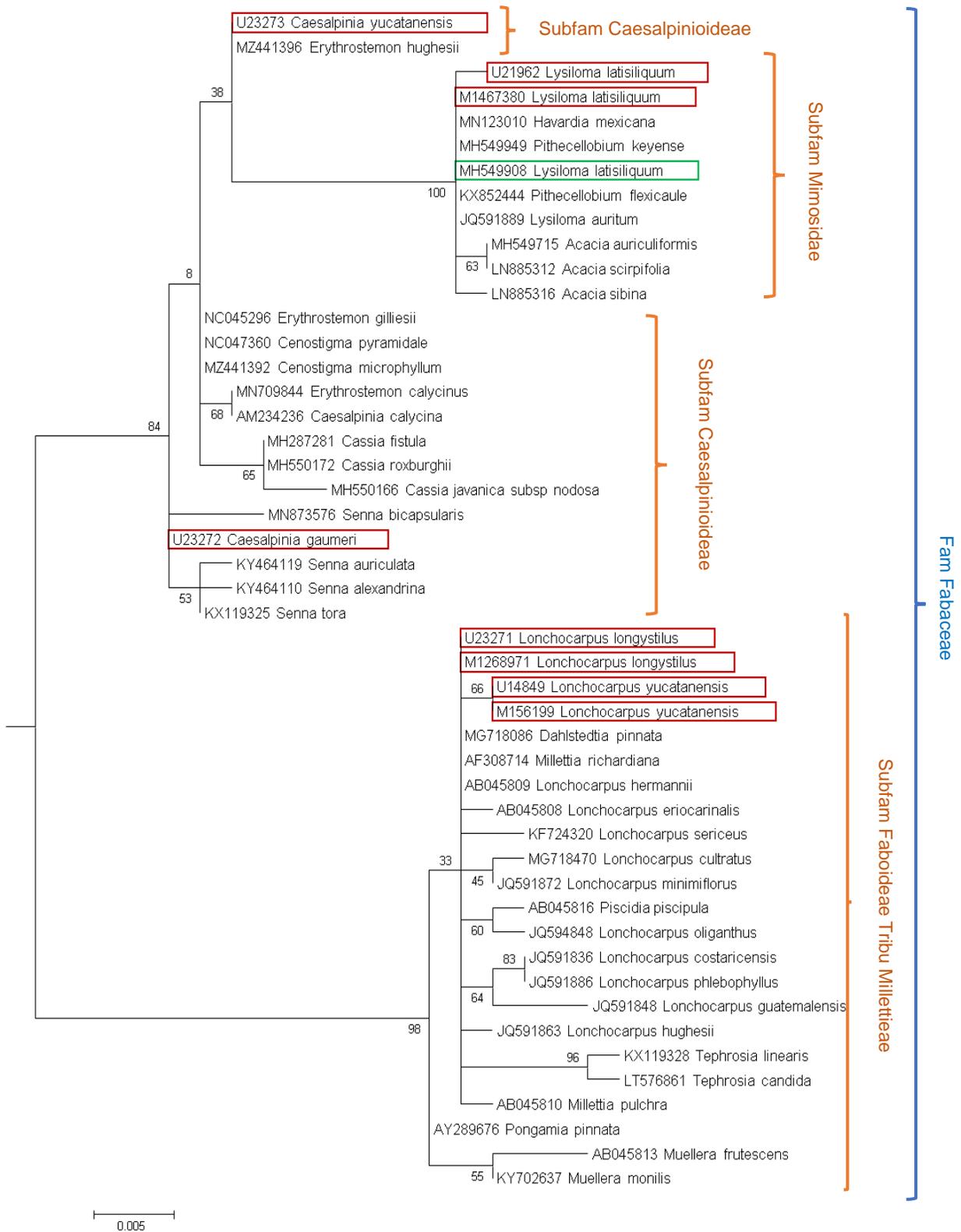
**Dendrograma 1.2. Identificación basada en el marcador *rbcL* de las especies pertenecientes a las familias Sapindaceae, Anacardiaceae, Boraginaceae y Rubiaceae.** Ampliación del dendrograma 1.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.01. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.



**Dendrograma 1.3. Identificación basada en *rbcL* de las especies pertenecientes a la familia Arecaceae.** Ampliación del dendrograma 1.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.0005. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.

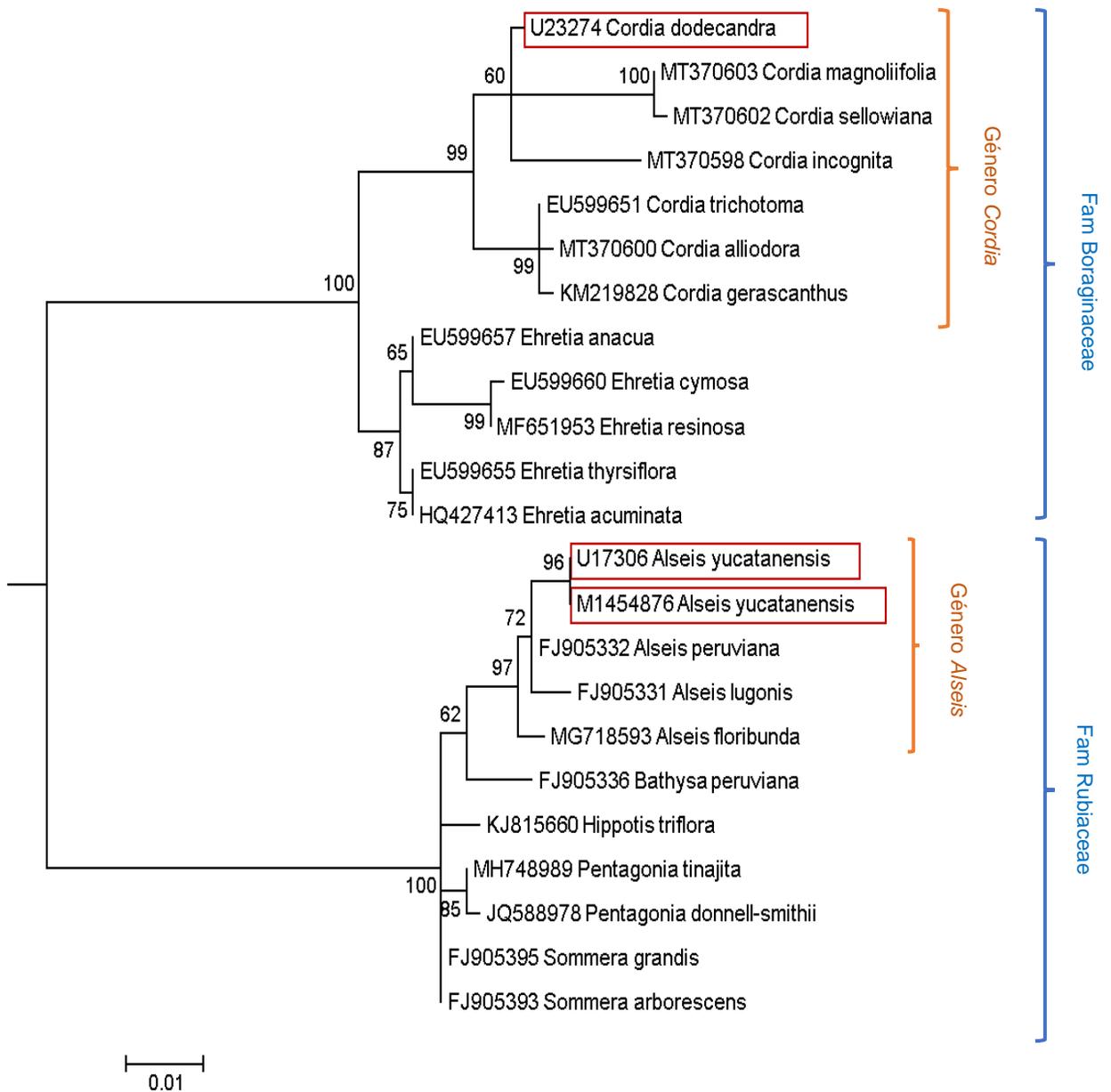


**Dendograma 1.4. Identificación basada en *rbcl* de las especies pertenecientes a las familias Euphorbiaceae y Erythroxylaceae.** Ampliación del dendograma 1.1 Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.005. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.

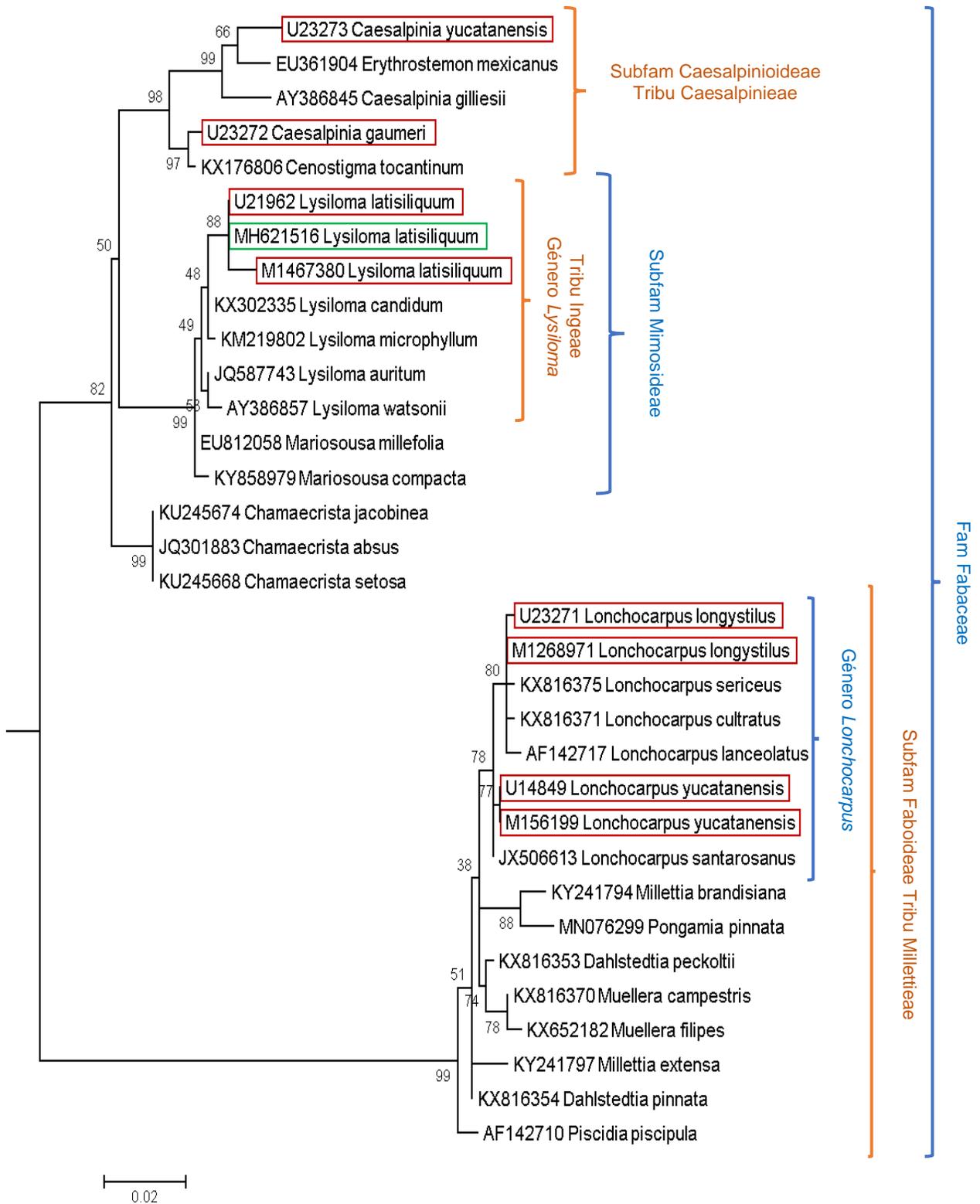


**Dendograma 1.5. Identificación basada en *rbcL* de las especies pertenecientes a la familia Fabaceae.** Ampliación del dendograma 1.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.005. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.

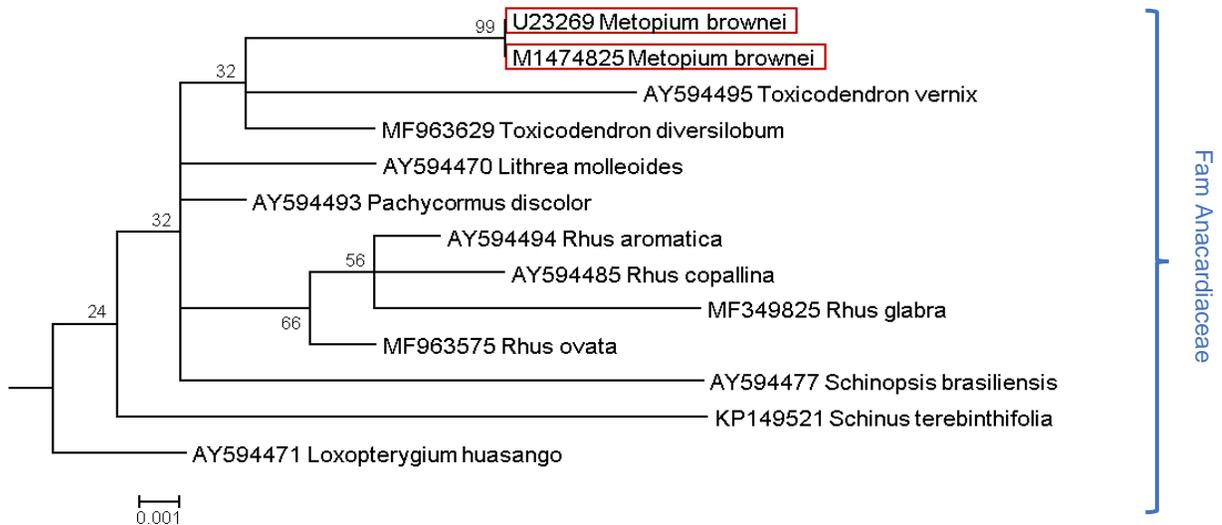




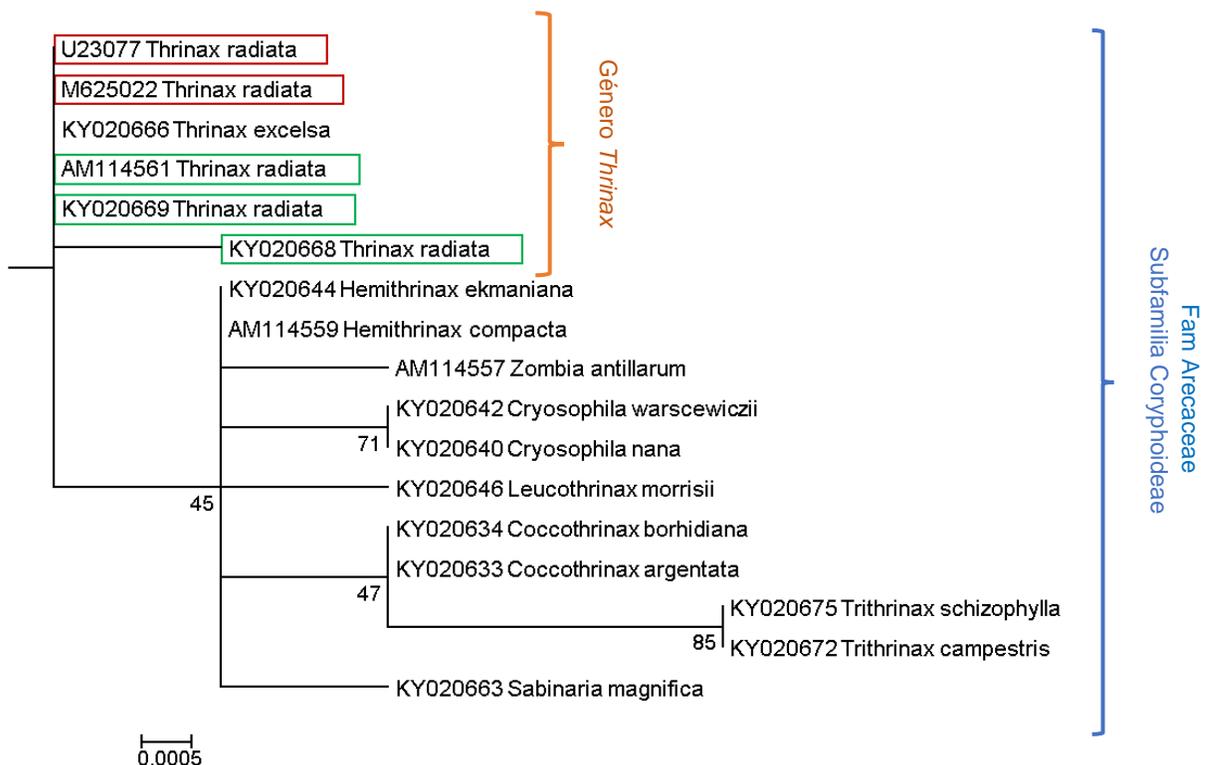
**Dendrograma 2.2. Identificación basada en el marcador *matK* de las especies pertenecientes a la familia Boraginaceae y Rubiaceae.** Ampliación del dendrograma 2.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.01. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU).



**Dendrograma 2.3. Identificación basada en el marcador *matK* de las especies pertenecientes a la familia Fabaceae.** Ampliación del dendrograma 2.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.02. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.

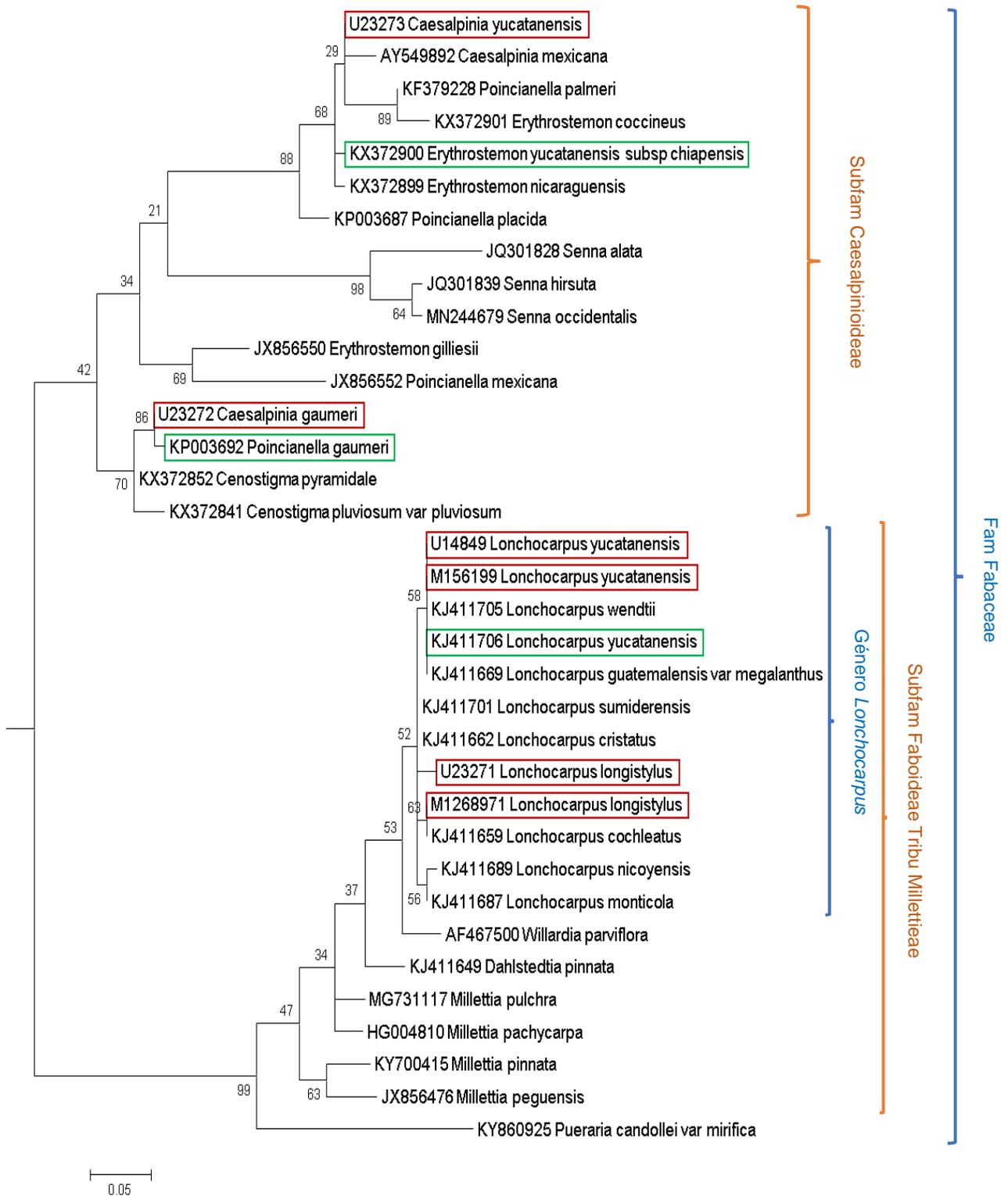


**Dendrograma 2.4. Identificación basada en el marcador *matK* de las especies pertenecientes a la familia Anacardiaceae.** Ampliación de la figura 16.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.001. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU).

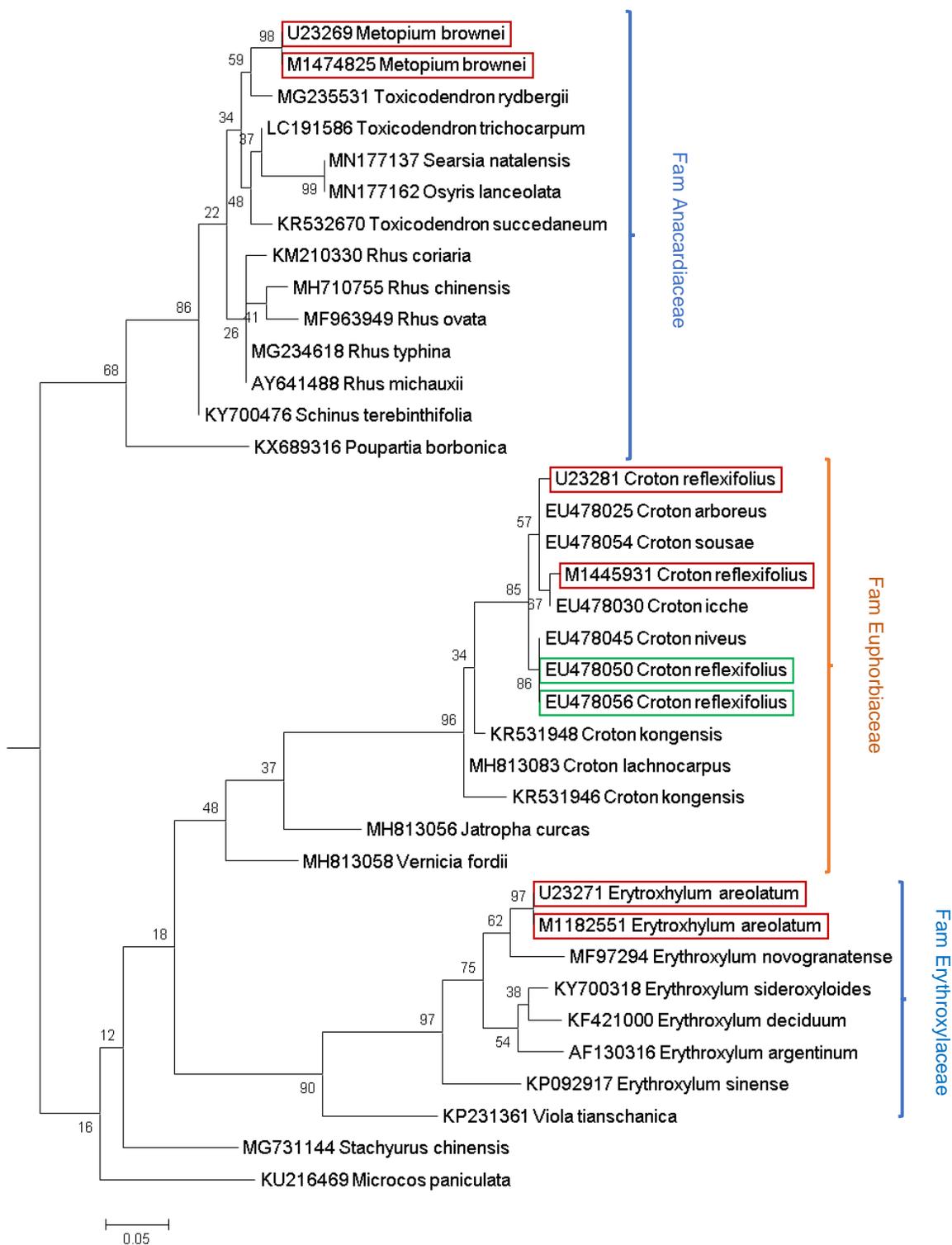


**Dendrograma 2.5. Identificación basada en el marcador *matK* de las especies pertenecientes a la familia Areaceae.** Ampliación del dendrograma 2.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.0005. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.

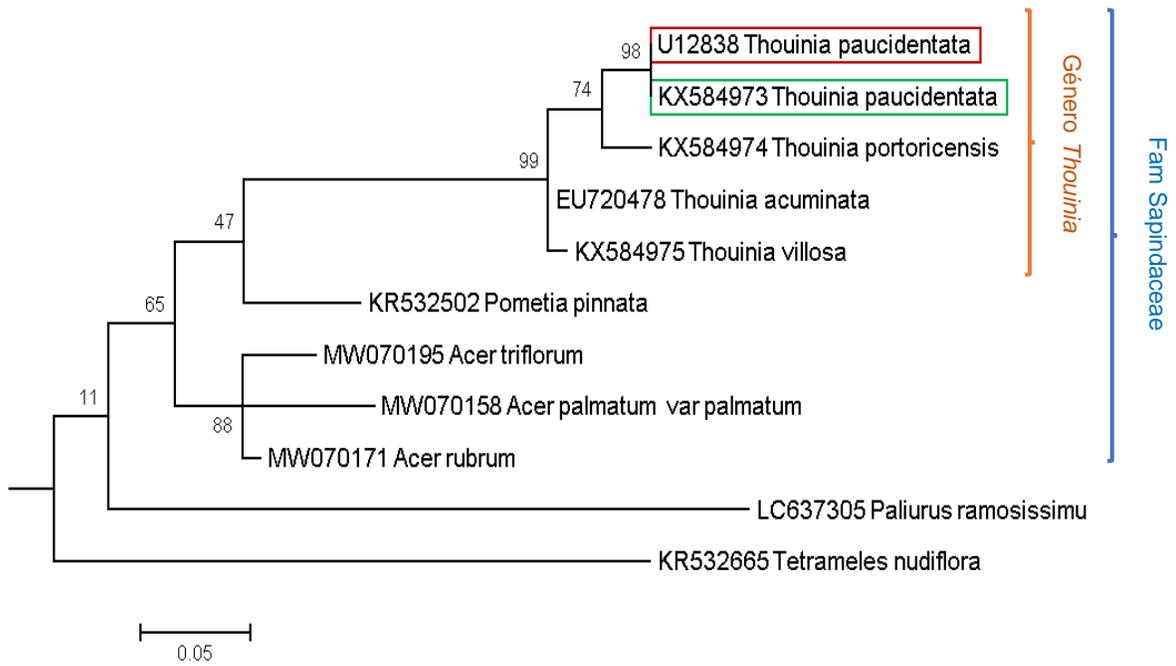




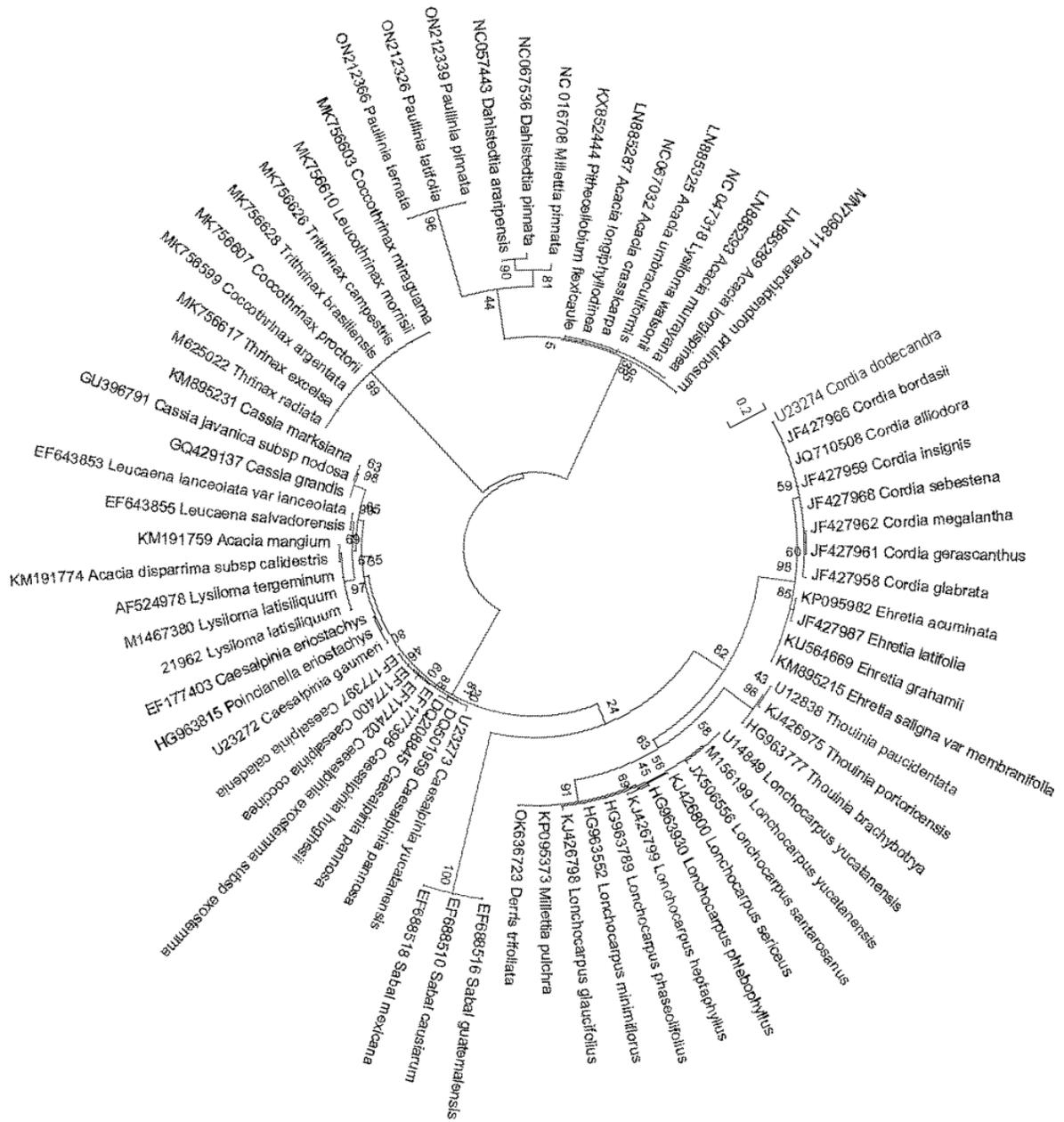
**Dendrograma 3.2. Identificación basada en el marcador *ITS2* de las especies pertenecientes a la familia Fabaceae.** Ampliación del dendrograma 3.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.05. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.



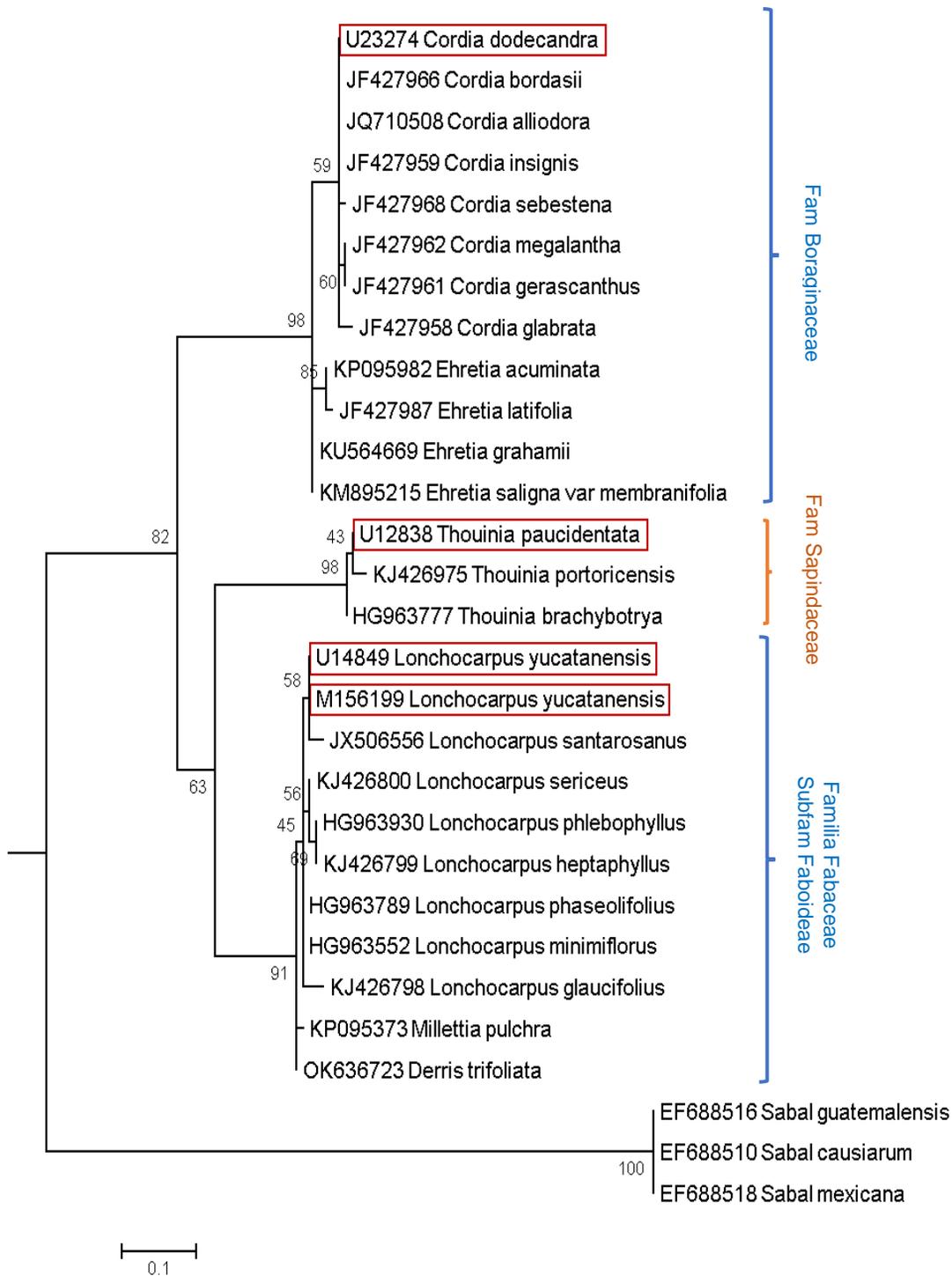
**Dendrograma 3.3. Identificación basada en el marcador *ITS2* de las especies pertenecientes a las familias *Anacardiaceae*, *Euphorbiaceae* y *Erythroxylaceae*.** Ampliación del dendrograma 3.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.05. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.



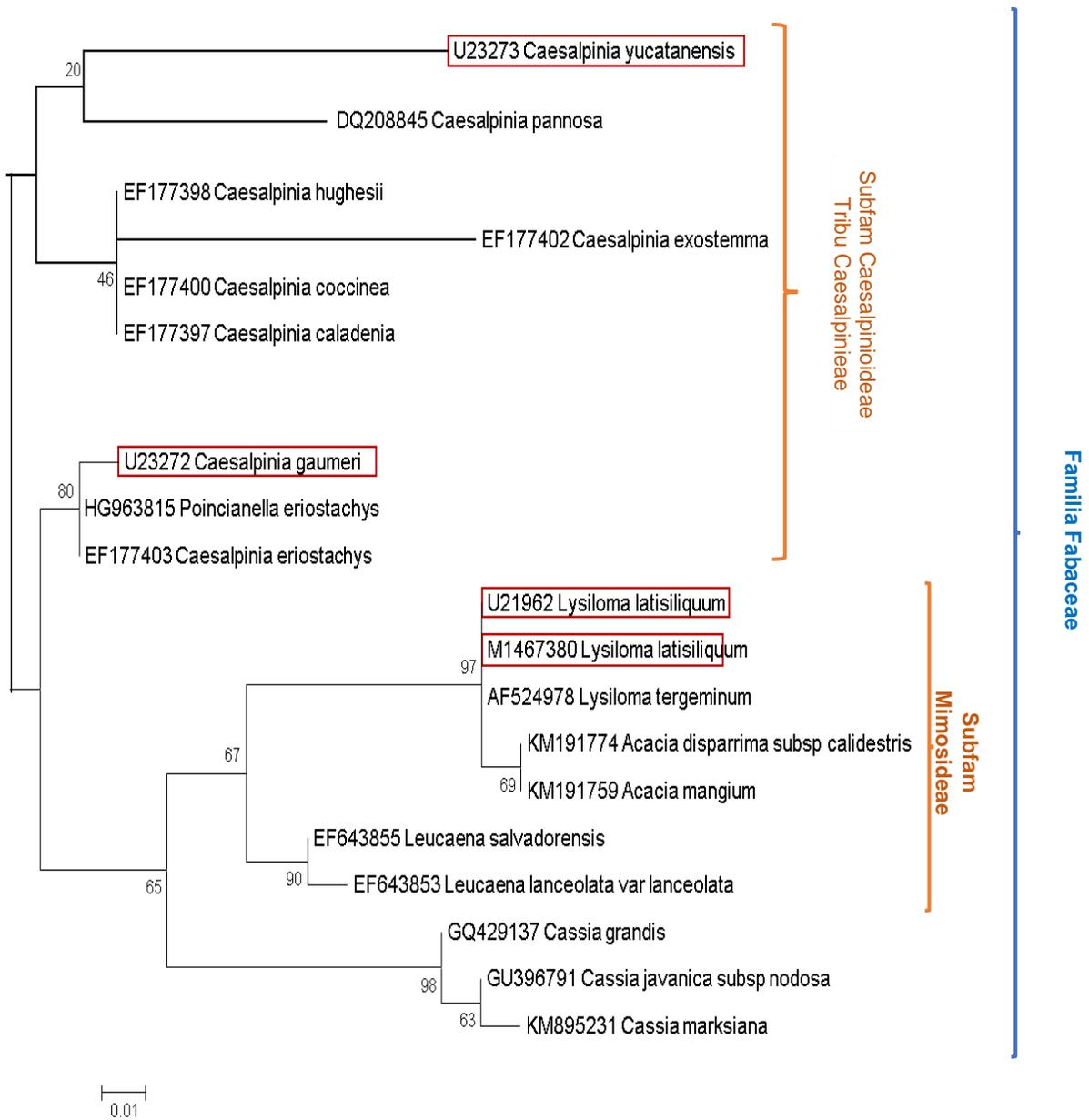
**Dendrograma 3.4. Identificación basada en el marcador *ITS2* de las especies pertenecientes a la familia Sapindaceae.** Ampliación del dendrograma 3.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.05. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU) y en verde las secuencias reportadas de la misma especie.



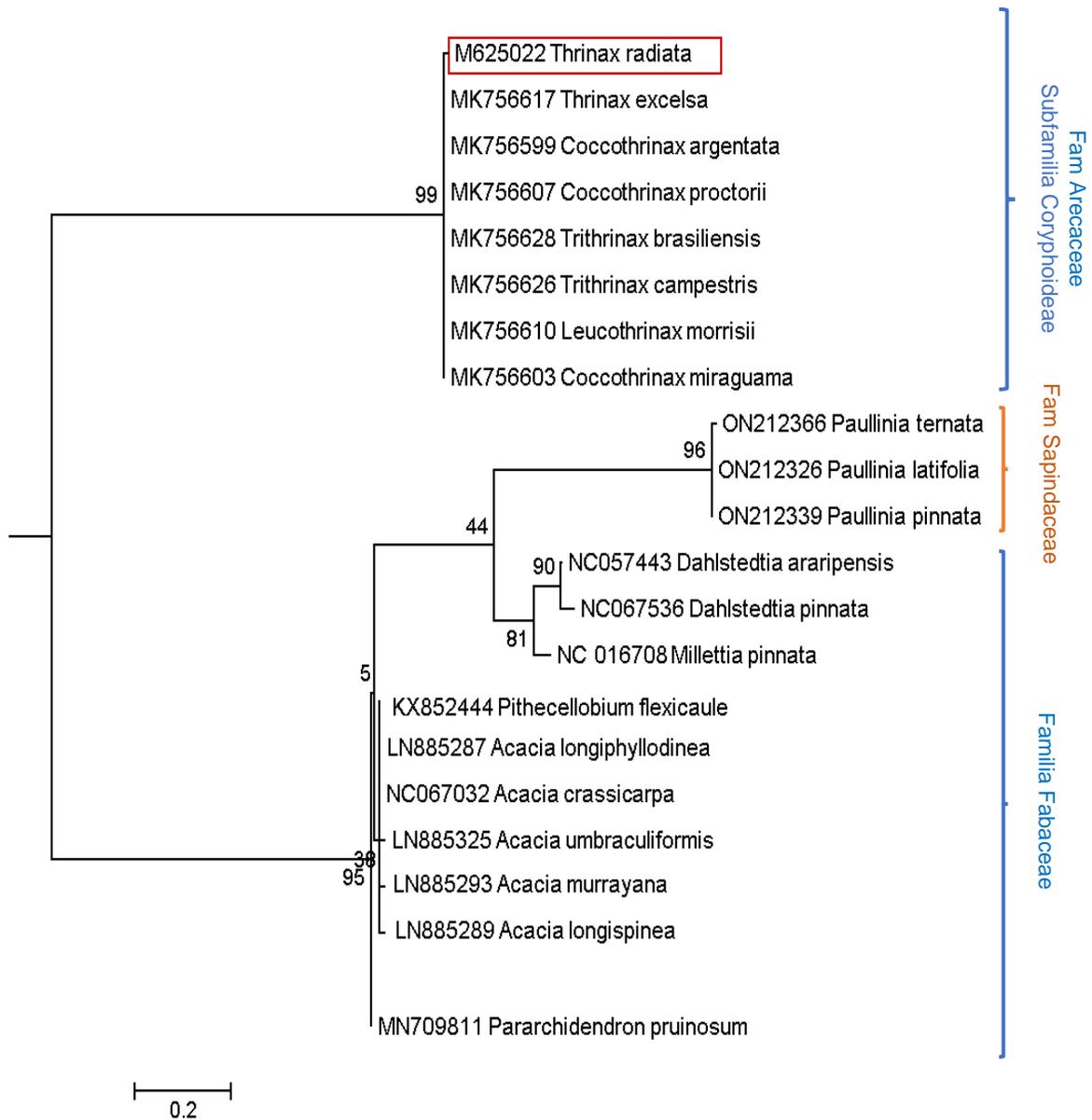
Dendrograma 4.1. Identificación basada en el marcador *trnH-psbA*. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*.



**Dendrograma 4.2. Identificación basada en el marcador *trnH-psbA* de las especies pertenecientes a las familias Boraginaceae, Sapindaceae y Fabaceae.** Ampliación del dendrograma 4.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 0.1. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU).



**Dendrograma 4.3. Identificación basada en *trnH-psbA* de las especies pertenecientes a la familia Fabaceae.** Ampliación del dendrograma 4.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de Neighbor-Joining. Escala 0.01. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU).



**Dendrograma 4.4. Identificación basada en *trnH-psbA* de las especies pertenecientes a la Araceae.** Ampliación del dendrograma 4.1. Reconstrucción filogenética utilizando el modelo de *Maximum Composite Likelihood* por el método de *Neighbor-Joining*. Escala 02. En rojo se resaltan las secuencias de interés (U:UADY; M:MEXU).

## 10. REFERENCIAS

- Alvarez-Suarez JM, Tulipani S, Romandini S, Bertoli E, Battino M. 2010. Contribution of honey in nutrition and human health: a review. *Mediterranean Journal of Nutrition and Metabolism*. 3:15–23. DOI:10.1007/s12349-009-0051-6
- Arnold A, Zepeda R, Vásquez-Dávila M, Aldasoro-Maya M. 2018. Las abejas sin aguijón y su cultivo en Oaxaca, México. Con catálogo de especies. Primera edición, México. El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR) & Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). (01/04/2023)  
<https://www.ecosur.mx/abejas/wp-content/uploads/sites/4/2018/06/Abejas-sin-aguijo%CC%81n-de-Oaxaca.pdf>
- Bell KL, De Vere N, Keller A, Richardson RT, Gous A, Burgess KS & Brosi BJ. 2016. Pollen DNA barcoding: current applications and future prospects. *Genome*. **59**(9): 629-640. DOI: 10.1139/gen-2015-0200
- Burelo-Ramos CM, Cabrera-Martínez LI, Rosas-Escobar P, Pliego-Escalante P, Guadarrama-Olivera MA, Jiménez-Pérez MA. 2012. Códigos de Barras de ADN: una nueva herramienta para la sistemática. *KuxulKaab' Revista de Divulgación Académica de Ciencias Biológicas*. México, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. Pp. 61-64. DOI: 10.19136/kuxulkab.a18n35.260
- Bruni I, Galimberti A, Caridi L, Scaccabarozzi D, DeMattia F, Casiraghi M, Labra M. 2015. DNA barcoding approach to identify plant species in multiflower. *Food Chemistry* 170: 308-315. DOI: 10.1016/j.foodchem.2014.08.060
- Cabezas-Savariego S. 2018. Sinopsis de la Familia Anacardiaceae. Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla. (01/04/2023)  
<https://idus.us.es/bitstream/handle/11441/83869/TFG%20definitivo%20Sandra%20Cabezas%20Savariego.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Casiraghi M, Labra M, Ferri E, Galimberti A, De Mattia F. 2010 DNA barcoding: theoretical aspects and practical applications Nimis P. L., Vignes Lebbe R. eds. *Tools for Identifying Biodiversity: Progress and Problems* – pp. 269-273 (01/04/2023)  
[https://www.researchgate.net/publication/228504282\\_DNA\\_barcoding\\_theoretical\\_aspects\\_and\\_practical\\_applications](https://www.researchgate.net/publication/228504282_DNA_barcoding_theoretical_aspects_and_practical_applications)

- CBOL Plant Working Grupo. 2009. DNA Barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*. 106 (31): 12794-12797. DOI:10.1073\_pnas.0905845106
  
- Chase MW, Cowan RS, Hollingsworth PM, van den Berg C, Madriñán S, Petersen G, Seberg O, Cameron KM, Kress WJ, Hedderson TAJ, Conrad F, Salazar G, Richardson JE, Hollingsworth M, Jørgensen T, Kelly L, Wilkinson M. 2007. A proposal for a standardised protocol to barcode all land plants. *Taxon*, 6:295–299. DOI:10.1002/tax.562004
  
- Chen S, Yao H, Han J, Liu C, Song J, Shi L, Zhu Y, Ma X, Gao T, Pang X, Luo K, Li Y, Li X, Jia X, Lin Y & Leon C. 2010. Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS One* 5(1):e8613. DOI:10.1371/journal.pone.0008613
  
- Cheng T, Xu C, Lei L, Li C, Zhang Y & Zhou S. 2016. Barcoding the kingdom Plantae: new PCR primers for ITS regions of plants with improved universality and specificity. *Molecular Ecology Resources*. 16(1): 138–149. DOI: 10.1111/1755-0998.12438
  
- CIATEJ, 2022. Boletín Prospección Agroalimentaria Tecno Económica. Precios de Miel. (01/04/2023) <https://ciatej.mx/dyd/boletinprospeccion.pdf>
  
- CODEX ALIMENTARIUS, 1981. NORMAS INTERNACIONALES DE LOS ALIMENTOS. NORMA PARA LA MIEL CXS-12. Adoptada en 1981. Enmendada en 2019. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) & Organización Mundial de la Salud (OMS). [https://www.fao.org/fao-who-codexalimentarius/sh-proxy/en/?lnk=1&url=https%253A%252F%252Fworkspace.fao.org%252Fsites%252Fcodex%252FStandards%252FCXS%2B12-1981%252FCXS\\_012s.pdf](https://www.fao.org/fao-who-codexalimentarius/sh-proxy/en/?lnk=1&url=https%253A%252F%252Fworkspace.fao.org%252Fsites%252Fcodex%252FStandards%252FCXS%2B12-1981%252FCXS_012s.pdf)
  
- CONABIO. 2011. Plan rector para promover una Denominación de Origen de mieles de la Península de Yucatán PROPUESTA. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) & Agencia Española de Cooperación Internacional para el Desarrollo (AECID). [https://atlasnacionaldelasabejasmx.github.io/atlas/pdfs/PlanRector\\_DenominaOrigenMielesPeninsulaYucatan.pdf](https://atlasnacionaldelasabejasmx.github.io/atlas/pdfs/PlanRector_DenominaOrigenMielesPeninsulaYucatan.pdf)
  
- CONABIO, 2021. Resumen de la Biodiversidad y Desarrollo Humano en Yucatán. Coordinación de Estrategias de Biodiversidad y Cooperación-CONABIO (01/04/2023) [https://www.biodiversidad.gob.mx/region/EEB/estudios/ee\\_yucatan](https://www.biodiversidad.gob.mx/region/EEB/estudios/ee_yucatan)

- Cristians-Niizawa S. 2020. Los códigos de barra moleculares como una herramienta para la identificación de plantas medicinales. Memoria del 47º Taller de Actualización Bioquímica, Facultad de Medicina, UNAM. Mensaje Bioquímico 44:31-37. (01/04/2023)  
<http://bq.facmed.unam.mx/tab/wp-content/uploads/2020/06/7-Niizawa.pdf>
  
- Cuenoud, P., Savolainen, V., Chatrou, L. W., Powell, M., Grayer, R. J. and Chase, M. W. 2002. Molecular phylogenetics of Caryophyllales based on nuclear 18S rDNA and plastid rbcL, atpB, and matK DNA sequences. American Journal of Botany. 89: 132–144. DOI:10.3732/ajb.89.1.132
  
- Dardón MJ, Enríquez E. 2008. Caracterización fisicoquímica y antimicrobiana de la miel de nueve especies de abejas sin aguijón (Meliponini) de Guatemala. Interciencia 33:916–922. (05/04/2023)  
<https://www.redalyc.org/pdf/339/33913809.pdf>
  
- Durán R y Méndez M (Eds). 2010. Biodiversidad y Desarrollo Humano en Yucatán. CICY, PPD-FMAM, CONABIO. (01/04/2023) <https://www.cicy.mx/sitios/biodiversidad-y-desarrollo-humano-en-yucatan>
  
- Duno R Cetzal-Ix W. 2020. Datos curiosos sobre el género *Caesalpinia* L. (Fabaceae) en la Península de Yucatán. Desde El Herbario CICY. 12: 69–73. (05/04/2023)  
[http://www.cicy.mx/sitios/desde\\_herbario/2020](http://www.cicy.mx/sitios/desde_herbario/2020)
  
- ECOFRONTERAS, 2021. Vol. 25, núm. 73. Editorial DeNuestroPozo. Abejas en Mesoamérica de ayer a hoy. (01/04/2023)  
<https://revistas.ecosur.mx/ecofronteras/index.php/eco/issue/download/169/25>
  
- Elías-Gutiérrez M, León-Regagnon V. 2013. DNA barcoding in Mexico: an introduction. Molecular Ecology Resources 13: 1093-1096. DOI:10.1111/1755-0998.12149
  
- Fazekas AJ, Burgess KS, Kesanakurti PR, Graham SW, Newmaster SG, Husband BC. 2008. Multiple multi locus DNA barcode from the plastid genome discriminate plant species equally well. PLoS One 3(7):e2802 DOI:10.1371/journal.pone.0002802.
  
- Friar EA. 2005. Isolation of DNA from plants with large amounts of secondary metabolites. Methods Enzymol, 395:3-14. DOI:10.1016/S0076-6879(05)95001-5.

- Galimberti A, DeMattia F, Bruni I, Scaccabarozzi D, Sandionigi A, Barbuto M, Casiraghi M, Labra M. 2014. A DNA Barcoding Approach to Characterize Pollen Collected by Honeybees. *PLoS ONE*. 9 (10): e109363. DOI:10.1371/journal.pone.0109363
  
- Guzman-Rodriguez LF, Cortes-Cruz MA, Pichardo-Gonzalez JM, Arteaga-Garibay RI. 2018. Comparison of DNA isolation protocols from soybean. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 9(8):1691-1701. DOI:10.29312/remexca.v9i8.872.
  
- Heikrujam J, Kishor R, Mazumder PB. 2020. The chemistry behind plant DNA isolation protocols. *Biochem. Anal. Tools–Methods for Bio-Molecules Studies*. 8:131-141. DOI:10.5772/intechopen.92206
  
- Hernández-Pineda JA. 2016. Códigos de barras biológicos en la identificación de plantas de importancia melífera. Tesis de Maestría en Ciencias Bioquímicas. Universidad Nacional Autónoma de México. México. (05/04/2023) <http://132.248.9.195/ptd2016/febrero/0741346/Index.html>
  
- Koecher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Pääbk S, Villablanca FX, Wilson AC. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 86: 6196-6200. DOI: 10.1073/pnas.86.16.6196.
  
- Kress WJ, Erickson DL. 2008. DNA barcodes: Genes, genomics, and bioinformatics. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*. 105(8):2761-2762. DOI:10.1073/pnas.0800476105
  
- Kress WJ, 2017. Plant DNA barcodes: Applications today and in the future *PNAS*. *Journal of Systematics and Evolution* 55 (4): 291-307. DOI:10.1111/jse.12254
  
- Kress, WJ, Wurdack KJ, Zimmer EA, Weigt LA, Janzen DH. 2005. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*. 102: 8369–8374 DOI:10.1073/pnas.0503123102
  
- Hawkins J, Vere N, Griffith A, Ford CR, Allainguillaume J, Hegarty MJ, Baillie L, Adams-Groom B. 2015. Using DNA Metabarcoding to Identify the Floral Composition of Honey: A New Tool for Investigating Honey Bee Foraging Preferences. *PLoS ONE*. DOI: 10.1371/journal.pone.0134735

- Levin RA, Wagner WL, Hoch PC, Nepokroeff M, Pires JC, Zimmer EA, Sytsma KJ. 2003. Family-level relationships of Onagraceae based on chloroplast rbcL and ndhF data. *American Journal of Botany*, 90(1):107-115. DOI:10.3732/ajb.90.1.107
  
- Li X, Yang Y, Henry R, Rossetto, M, Wang Y, Chen S. 2015. Plant DNA barcoding: from gene to genome. *Biological reviews of the Cambridge Philosophical Society*. 90(1):157-166. DOI: 10.1111/brv.12104
  
- Lima RAF, Oliveira AA, Colletta GD, Flores TB, Coelho RLG, Dias P, Frey GP, Iribar A, Rodrigues RR, Souza VC, Chave J. 2018. Can plant DNA barcoding be implemented in species-rich tropical regions? A perspective from São Paulo State, Brazil. *Genetics and Molecular Biology*. 41(3):661-670. DOI:10.1590/1678-4685-GMB-2017-0282.
  
- NORMA Oficial Mexicana NOM-004-SAG/GAN-2018, Producción de miel y especificaciones. *Diario Oficial de la Federación*. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural. (01/04/2023). [https://www.dof.gob.mx/nota\\_detalle.php?codigo=5592435&fecha=29/04/2020#gsc.tab=0](https://www.dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5592435&fecha=29/04/2020#gsc.tab=0)
  
- Norma Oficial Mexicana NOM-059-ECOL-2001, Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestres-Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio-Lista de especies en riesgo. *Diario Oficial, Segunda Sección*. Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales. (01/04/2023). <https://www.biodiversidad.gob.mx/pdf/NOM-059-ECOL-2001.pdf>
  
- Pat-Fernández LA, Anguebes-Franceschi F, Pat-Fernández JM, Hernández-Bahena P, Ramos-Reyes R. 2018. Condición y perspectivas de la meliponicultura en comunidades mayas de la reserva de la biósfera Los Petenes, Campeche, México. *Estudios de Cultura Maya* 52: 227-254. DOI:10.19130/iifl.ecm.2018.52.939
  
- Puillandre N, Lambert A, Brouillet S, Achaz G. 2012. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology*. 21(8):1864-77. DOI:10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x.
  
- Ratnasingham S & Hebert PDN. 2007. BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, 7: 355-364. DOI:10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x

- Richardson RT, Lin CH, Sponsler DB, Quijia JO, Goodell K, Johnson RM. 2015. Application of ITS2 Metabarcoding to Determine the Provenance of Pollen Collected by Honey Bees in an Agroecosystem Applications in Plant Sciences 3 (1): 1400066. DOI:10.3732/apps.1400066
  
- SADER & INEGI, 2021. Atlas Nacional de las Abejas y Derivados Apícolas. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER) y el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI). (01/04/2023) <https://atlas-abejas.agricultura.gob.mx/>
  
- Saddhe AA, Kumar K. 2018. DNA barcoding of plants: Selection of core markers for taxonomic Grupos. Plant Science Today. 5(1):9-13. DOI:10.14719/pst.2018.5.1.356
  
- Sandionigi A, Galimberti A, Labra M, Ferri E, Panunzi E, DeMattia F, Casiraghi M. 2012. Analytical approaches for DNA barcoding data - how to find a way for plants? Plant Biosystems – An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology. 146(4): 805-813. DOI:10.1080/11263504.2012.740084
  
- Sang T, Crawford DJ, Stuessy TF. 1997. Chloroplast DNA phylogeny, reticulate evolution and biogeography of Paeonia (Paeoniaceae). American Journal of Botany 84: 1120–1136. DOI:10.2307/2446155
  
- Soto-Muciño LE, Elizarraras-Baena R, Soto-Muciño I. 2017. Situación apícola en México y perspectiva de la producción de miel en el Estado de Veracruz. Revista de Estrategias del Desarrollo Empresarial 3(7): 40-64. (30/03/2023) [https://www.ecorfan.org/spain/researchjournals/Estrategias\\_del\\_Desarrollo\\_Empresarial/vol3num7/Revista\\_de\\_Estrategias\\_del\\_Desarrollo\\_Empresarial\\_V3\\_N7\\_5.pdf](https://www.ecorfan.org/spain/researchjournals/Estrategias_del_Desarrollo_Empresarial/vol3num7/Revista_de_Estrategias_del_Desarrollo_Empresarial_V3_N7_5.pdf)
  
- Tate JA, Simpson BB. 2003. Paraphyly of Tarasa (Malvaceae) and diverse origins of the polyploid species. Systematic Botany 28: 723–737. DOI:10.1043/02-64.1
  
- Trotta LB, Baiser B, Possley J, Li D, Lange J, Martin S, Sessa EB. 2018. Community phylogeny of the globally critically imperiled pine rockland ecosystem. American Journal of Botany. 105(10):1735-1747. DOI:10.1002/ajb2.1168.
  
- Vere N, Rich T, Trinder S, Long C. 2015. DNA barcoding for plants. Methods of Molecular Biology. 1245:101-18. DOI:10.1007/978-1-4939-1966-6\_8.

- Vijayan K & Tsou CH. 2010. DNA Barcoding in Plants: Taxonomy in a New Perspective. *Current Science* (Bangalore). 99 (11): 1530-1541. <https://www.currentscience.ac.in/Volumes/99/11/1530.pdf>
  
- Villanueva-Gutiérrez R. 2017. Guía de crianza de la Melipona beecheii. Fundación Melipona Maya. Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR) & Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). (05/04/2023) [http://stephenbuchmann.com/wp-content/uploads/mayanbee\\_brochure.pdf](http://stephenbuchmann.com/wp-content/uploads/mayanbee_brochure.pdf)
  
- Vit P, Medina M, Enríquez ME. 2004. Quality standards for medicinal uses of Meliponinae honey in Guatemala, Mexico and Venezuela. *Bee World*. 85: 2–5. DOI:10.1080/0005772X.2004.11099603
  
- White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: *PCR Protocols: a guide to methods and applications*. (Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ, eds). Academic Press, New York, USA: 315–322. DOI:10.1016/B978-0-12-372180-8.50042-1
  
- Yao H, Song J, Liu C, Luo K, Han J, Li Y, Pang X, Xu H, Zhu Y, Xiao P, Chen S. 2010. Use of ITS2 region as the universal DNA barcode for plants and animals. *PLoS One*. 5(10):e13102. DOI:10.1371/journal.pone.0013102.