



# KUKULKAB'

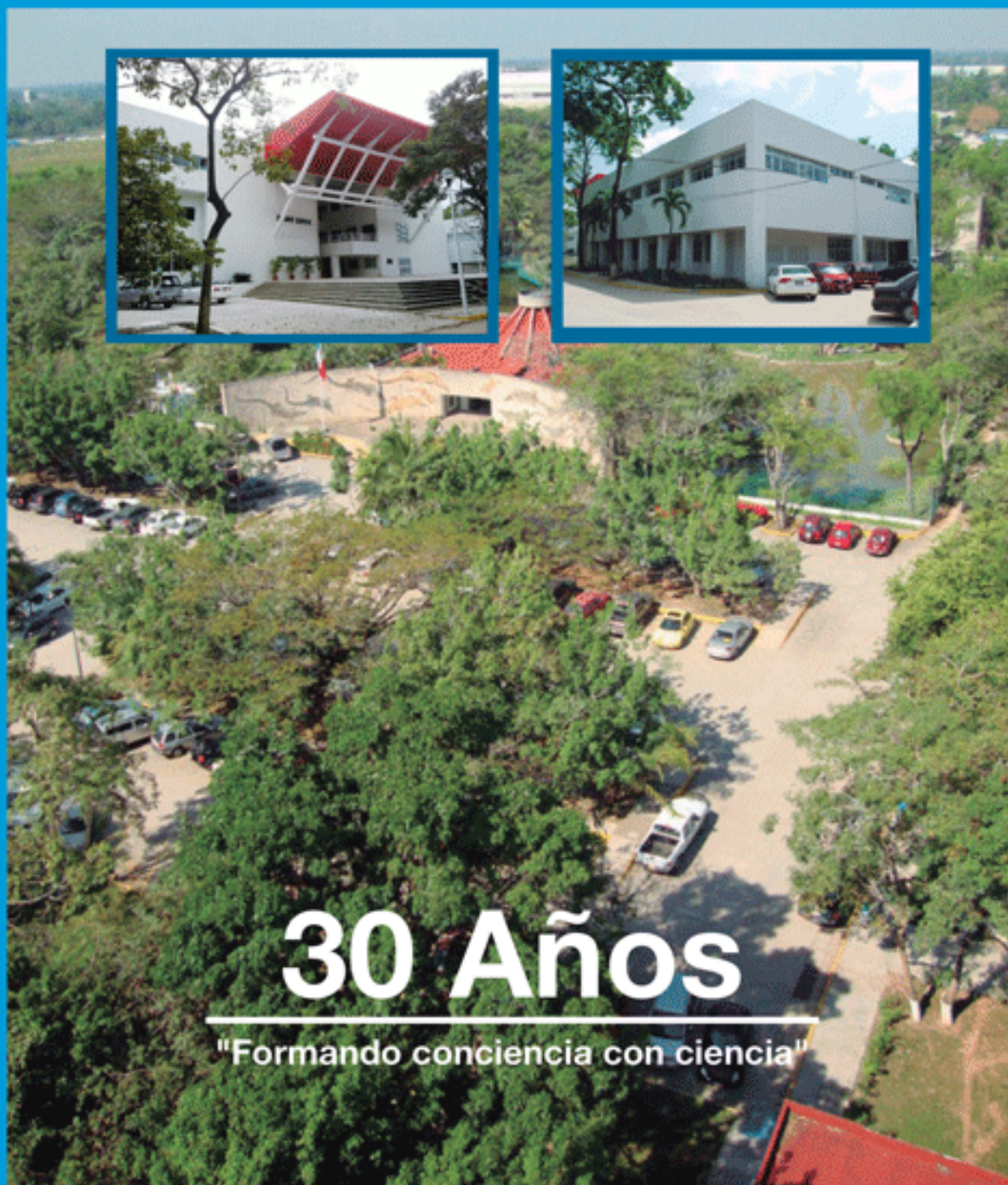
REVISTA DE  
DIVULGACIÓN

ISSN 1665-0514

División Académica de Ciencias Biológicas

• Volumen XVIII • Número 35 • Julio - Diciembre 2012 •

**Universidad Juárez Autónoma de Tabasco**



## 30 Años

"Formando conciencia con ciencia"

## REVISTA DE DIVULGACIÓN

División Académica de Ciencias Biológicas  
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

*Kuxulkab' Voz chontal - tierra viva, naturaleza*

### CONSEJO EDITORIAL

Dra. Lilia Ma. Gama Campillo  
**Editor en jefe**

Dr. Randy Howard Adams Schroeder  
Dr. José Luis Martínez Sánchez  
**Editores Adjuntos**

Biól. Fernando Rodríguez Quevedo  
**Editor Asistente**

### COMITÉ EDITORIAL EXTERNO

**Dra. Silvia del Amo**  
Universidad Veracruzana

**Dr. Bernardo Urbani**  
Universidad de Illinois

**Dr. Guillermo R. Giannico**  
Fisheries and Wildlife Department,  
Oregon State University

**Dr. Joel Zavala Cruz**  
Colegio de Posgraduados, Campus Tabasco

**Dr. Wilfrido Miguel Contreras Sánchez**  
División Académica de Ciencias Biológicas  
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

Publicación citada en:

- El índice bibliográfico PERIÓDICA, índice de Revistas Latinoamericanas en Ciencias.  
Disponible en <http://www.dgbiblio.unam.mx>  
<http://www.publicaciones.ujat.mx/publicaciones/kuxulkab>

KUXULKAB' Revista de Divulgación de la División Académica de Ciencias Biológicas, publicación semestral de junio 2001. Número de Certificado de Reserva otorgado por Derechos: 04-2003-031911280100-102. Número de Certificado de Licitud de Título: (11843). Número de Certificado de Licitud de Contenido: (8443). Domicilio de la publicación: Km. 0.5 Carretera Villahermosa-Cárdenas, entronque a Bosques de Saloya. Villahermosa, Tabasco. C.P. 86039 Teléfono Conmutador: 3581500 ext.6400 Teléfono Divisional: 3544308, 3379611. Dirección electrónica: <http://www.publicaciones.ujat.mx/publicaciones/kuxulkab> Imprenta: M.A. Impresores, S.A. de C.V. Av. Hierro No. 1 Mza. 3 Ciudad Industrial C. P. 86010 Villahermosa, Tabasco. Distribuidor: División Académica de Ciencias Biológicas Km. 0.5 Carretera Villahermosa-Cárdenas, entronque a Bosques de Saloya. C.P. 86039 Villahermosa, Tabasco.

### **Nuestra Portada**

Edificios emblemáticos de la DACBiol-UJAT; el Centro de Investigación para la Conservación de Especies Amenazadas (CICEA), el Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de Recursos Tropicales (CICART) y el Herbario UJAT.

### **Diseño de:**

Lilianna López Gama

### **Fotografías:**

Lilia María Gama Campillo, Rafael Sánchez Gutiérrez y Juan Pablo Quiñonez Rodríguez.

Personal docente de la DACBiol - UJAT.

**Estimados lectores:**

**E**ste año se llevó a cabo un importante número de eventos para festejar el 30 aniversario de la enseñanza de las ciencias ambientales en la UJAT, tuvimos la oportunidad de conocer a investigadores que enriquecieron con sus participaciones los conocimientos de todos los que formamos la comunidad de la División Académica de Ciencias Biológicas.

La Universidad se encuentra en un proceso, que sin duda alguna, fortalecerá todos los medios de comunicación que forman parte de la misma, como lo es nuestra revista. El Área Editorial se encuentra ya funcionando como fortaleza no solo de Kuxulkab' sino de otros aspectos de divulgación y editoriales de la DACBIol. El programa de reorganización del sistema de manejo de Kuxulkab', permite hoy en día, brindar una respuesta mucho más rápida a todos aquellos artículos sometidos para publicar; igualmente nos encontramos participando en la implementación de un nuevo sistema propuesto por el Departamento de Publicaciones Periódicas de la Universidad, para la administración de manuscritos que permita agilizar el vínculo con la impresión como parte de la estrategia del plan de mejoras de dichas revistas.

Este número cuenta con un conjunto de cinco artículos y seis notas de temas de actualidad relacionados a las áreas de investigación que se llevan a cabo en la DACBIol y desarrollados por investigadores, estudiantes y colegas en la región. Como siempre agradecemos a todos los autores que nos enriquecen con sus contribuciones, así como a los revisores que amablemente se han tomado el tiempo de colaborar con nosotros y que cada día forman un grupo más nutrido, lo que nos fortalece en la revisión de una mayor diversidad de temas. Los invitamos a seguir considerando y usar esta opción de publicación como una ventana para compartir sus investigaciones, así como el desarrollo de temas de interés, tanto para nuestros colegas, alumnos y compañeros de la DACBIol y de la región.

**Lilia Gama**  
Editor en Jefe

**Rosa Martha Padrón López**  
Directora

**División Académica de Ciencias Biológicas**  
**Universidad Juárez Autónoma de Tabasco**



---

## Códigos de Barras de ADN: una nueva herramienta para la sistemática

**Carlos Manuel Burelo Ramos<sup>1</sup>, Lidia Irene Cabrera Martínez<sup>2</sup>,  
Patricia Rosas Escobar<sup>2</sup>, Patricia Escalante Pliego<sup>2</sup>,  
María de los Ángeles Guadarrama Olivera<sup>1</sup> & Nelly del Carmen Jiménez Pérez<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Herbario UJAT; División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

<sup>2</sup>Departamento de Zoología; Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México  
carlos.burelo@ujat.mx

La sistemática, la ciencia que estudia y clasifica la diversidad biológica, tiene como meta el inventariar todas las especies que habitan este planeta. Esta labor es complicada, pues a la fecha han sido formalmente descritas y nombradas cerca de un millón y medio de especies, que representan un bajo porcentaje de las 30 millones de especies que se estima que existen. Determinar a qué grupo taxonómico (familia, género y especie) pertenece un organismo puede ser difícil y, en muchos casos, sólo puede hacerlo de manera confiable un taxónomo experto en ese grupo particular. Generalmente la identificación requiere del uso de claves dicotómicas y de la comparación de las características morfológicas del organismo. Sin embargo, las características distintivas pueden ser difíciles de observar (por ejemplo, atributos microscópicos o de la anatomía interna), estar presentes solamente en un estadio particular del ciclo de vida (generalmente en los individuos adultos), o en uno de los dos sexos. Por otra parte, cuando se tiene un ejemplar incompleto, como una pluma de ave o una semilla, la identificación de la muestra no puede llevarse a cabo.

El proyecto del código de barras de la vida tiene por objeto facilitar la identificación taxonómica mediante la secuenciación y comparación automatizada de un pequeño fragmento de ADN de una región del genoma que se encuentra en todos los organismos. Esta secuencia o fragmento de ADN presenta variaciones que permiten identificar diferentes especies, de manera análoga a los códigos de barras numéricos que identifican los productos en los supermercados. El código de barras de ADN está permitiendo desarrollar un sistema confiable, rápido y barato para la

identificación de muestras biológicas que podrá ser usado por cualquier persona y constituirá una herramienta complementaria a la práctica taxonómica tradicional. La idea de un código de barras genético fue introducida formalmente en 2003, cuando el Dr. Paul Hebert y su grupo de investigación de la Universidad de Guelph en Canadá, publicaron un artículo titulado "Identificación biológica a través de los códigos de barras de ADN". En ese trabajo se propuso el uso de un fragmento del gen mitocondrial citocromo oxidasa I (COI) como base para un nuevo sistema de identificación y descubrimiento de especies.

El Consorcio para el Código de Barras de la Vida (CBOL, por sus siglas en inglés) es la organización internacional que promueve la colaboración dentro de este proyecto y pretende que todas las personas de todos los países puedan entender mejor y proteger su biodiversidad. La Conferencia Inaugural del Proyecto Internacional para el Código de Barras de la Vida se llevó a cabo del 17 al 20 de junio del 2007 en la ciudad de Guelph, Ontario, Canadá; donde se acordó elaborar un proyecto internacional (iBOL) que estableciera como meta general producir en cinco años, 5 millones de códigos de barras de 500,000 especies. Con dicha información se está generando una biblioteca de referencia global de secuencias, de acceso libre, que permitirá a los no-taxónomos identificar cualquier ejemplar biológico a partir de un fragmento de tejido del cual se pueda extraer ADN. Por lo que, el código de barras de un ejemplar no identificado, fresco o depositado en una colección, puede ser generado y comparado con los códigos de barra de referencia de la biblioteca internacional, para identificar la especie a la que corresponde el

ejemplar. A enero del 2011, la base de datos cuenta con 1,088,672 códigos de barras de 93,742 especies diferentes.

México participa en este proyecto mundial y actualmente es considerado un nodo regional. Las instituciones miembros de este proyecto en México y que conforman los centros nacionales de la Red MexBOL son 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). Durante el primer año de desarrollo de éste proyecto, las tres primeras instituciones académicas constituyeron las sedes del proyecto, reuniendo investigadores especialistas de diversos grupos taxonómicos, ofreciendo facilidades para el depósito permanente de los ejemplares que se utilicen en el proyecto (en forma tradicional y criogénica) y montando los laboratorios de Sistemática Molecular, donde se procesan parcialmente las muestras que se van a utilizar como códigos de barras a nivel de aislamiento de ADN total y amplificación de los fragmentos del código de barras de ADN.

### **Los Códigos de Barras de ADN de plantas y animales**

Si bien se ha establecido, como idea central, que el código de barras se basa en una secuencia corta del ADN que se encuentra en todas las especies del planeta y que puede darnos la información necesaria para diferenciarlas, en la actualidad ha resultado muy difícil usar el mismo fragmento para todos los grupos. Las secuencias del ADN mitocondrial resultan ser idénticas en muchos grupos de plantas y hongos y, por lo tanto, su poder de discriminación no funciona para reconocer hasta nivel de especie a un organismo, o por lo contrario este fragmento es tan variable que es imposible utilizarlo para reconocer especies, lo cual no es el caso en los fila animales. Por ello se han seleccionado uno o dos fragmentos pequeños de ADN diferentes para los otros grandes grupos que constituyen la biota del planeta. Para los animales entonces se ha establecido el uso de un fragmento de la secuencia del gen mitocondrial COI, el cual consta de 648 pares de bases. Para este marcador

se ha comprobado su alta eficiencia en la identificación específica para aves, mariposas, peces, y muchos otros grupos de animales. La ventaja de usar un fragmento de COI como marcador genético se debe a que es una secuencia que puede ser secuenciada fácilmente a un bajo costo económico. Para el caso de las plantas recientemente, se ha establecido el uso de dos regiones en los genes de cloroplasto *matK* y *rbcL*, con ventajas similares al COI y que han mostrado su utilidad en la sistemática (CBOL, 2009). En el caso de los hongos, el marcador ITS se han usado tradicionalmente y los expertos en este grupo se han pronunciado por continuar con el mismo para los códigos de barras de ADN para la base de datos y la determinación taxonómica.

### **Usos y beneficios globales de los Códigos de Barras Genéticos**

De acuerdo al CBOL, el código de barras de ADN puede ayudar a documentar muchos de los objetivos de desarrollo del milenio de la ONU (MDGs, por sus siglas en inglés), y alcanzar las metas de la Convención sobre la Diversidad Biológica, que son:

#### **Control de plagas de la agricultura: disminuyendo la pobreza y el hambre (MDG 1).**

El daño causado por plagas a la industria agrícola cuesta a los agricultores el equivalente a miles de millones de dólares al año. Los códigos de barras de ADN pueden ayudar a identificar de forma rápida las plagas que se encuentran en cualquier etapa de su ciclo de vida, haciendo más fácil su control. La iniciativa global para hacer el código de barras de la familia Tephritidae, por ejemplo, contribuirá al manejo de la mosca de la fruta y proveerá a los inspectores en las aduanas de una herramienta para identificar y detener a esta especie en la frontera. Asegurando un comercio libre de plagas que garantizará un mejor acceso a los mercados globales.

#### **La identificación de vectores de enfermedades: el combate a las enfermedades (MDG 6).**

Muchas de las enfermedades infecciosas más severas de humanos y animales, como la malaria, son transmitidas a través de otros organismos y se les denomina vectores (que pertenecen a diferentes especies). El código de

barras de ADN permite a los no-taxónomos, identificar estos vectores, ayudando a entender y frenar enfermedades transmitidas por plagas y patógenos. La iniciativa global de códigos de barras de los mosquitos está construyendo la biblioteca de referencia de códigos de barras que puede auxiliar a inspectores de salud pública para el control eficiente de vectores de enfermedades importantes y con menor dependencia de insecticidas.

**Sustentabilidad del ambiente: recursos naturales sustentables (MDG 7 y objetivo de la Convención de la Diversidad Biológica).** La sobre-explotación de recursos naturales, como peces y árboles maderables, está llevando al agotamiento y extinción de estas especies, y al colapso económico de las industrias que dependen de ellas. Los administradores y reguladores de los recursos naturales, pueden monitorear el comercio ilegal de productos procesados usando el código de barras de ADN. Se están construyendo bibliotecas de referencia de códigos de barras para peces (FISHBOL) y árboles maderables (TreeBOL), con el objetivo de mejorar el manejo y conservación de estos recursos naturales.

**Protegiendo especies en peligro.** La cacería para la obtención de carne de especies silvestres ha reducido las poblaciones de primates al 90% en algunas partes de África. Las autoridades pueden usar el código de barras de ADN para identificar la carne obtenida de especies en peligro de extinción en los mercados locales, y contribuir a la conservación de la diversidad biológica. Ha sido lanzada recientemente una iniciativa del código de barras de ADN para la conservación, con la meta de crear una biblioteca de códigos de barras para especies en peligro de extinción.

**Monitoreando la calidad del agua.** El agua potable está convirtiéndose rápidamente en un recurso preciado. La salud de lagos, ríos y arroyos se mide frecuentemente estudiando los organismos que viven en ellos. El código de barras de ADN está siendo utilizado para documentar especies indicadoras que pueden ser difíciles de identificar. Las agencias ambientales pueden usar el código de barras para mejorar sus evaluaciones de calidad de agua, crear y hacer mejores leyes que aseguren el suministro de agua potable de buena calidad.

## ¿Cómo se hacen los Códigos de Barras de ADN?

También el CBOL nos explica que el código de barras de ADN de un ejemplar no identificado puede ser leído usando técnicas estandarizadas de secuenciación de genes, e involucra tres tipos de actividades:

- Obtención y procesamiento de organismos: colecta, identificación y preservación de ejemplares de respaldo en colecciones depositadas en instituciones de investigación científica.
- Trabajo de laboratorio: muestreo y procesamiento de tejidos extraídos de los ejemplares para obtener el código de barras de ADN de la secuencia del gen seleccionado.
- Administración de datos: compartir las secuencias del código de barras de ADN, fotografías e información del ejemplar de respaldo del que se obtuvo el código de barras, en una base de datos pública.

## ¿Cuánto cuesta hacer el código de barras de ADN de un ejemplar? y ¿cuánto tiempo tarda en obtenerse?

De acuerdo al CBOL, en la actualidad el proceso de laboratorio cuesta entre \$2 y \$5 dólares americanos en la mayoría de los laboratorios bien equipados, y hasta menos de \$2 dólares americanos en algunos casos. Hacerlo toma pocas horas en la mayoría de los laboratorios y ahora puede hacerse en tan poco tiempo como 90 minutos. Los costos están disminuyendo constantemente y el proceso de la obtención de ellos se está acelerando. En los próximos años, el código de barras probablemente costará centavos de dólar y tomará sólo algunos minutos.

## Literatura citada

**CBOL Plant Working Group** [P. M. Hollingsworth, L. L. Forrest, J. L. Spouge, M. Hajibabaei, S. Ratnasingham, M. van der Bank, M. W. Chase, R. S. Cowan, D. L. Erickson, A. J. Fazekas, S. W. Graham, K. E. James, K.-J. Kim, W. J. Kress, H. Schneider, J. van AlphenStahl, S. C.H. Barrett, C. van den Berg, D. Bogarin, K. S. Burgess, K. M. Cameron, M. Carine, J. Chacón, A. Clark, J. J. Clarkson, F. Conrad, D. S. Devey, C. S. Ford, T. A. J. Hedderson,

M. L. Hollingsworth, B. C. Husband, L. J. Kelly, P. R. Kesanakurti, J. S. Kim, Y.-D. Kim, R. Lahaye, H.-L. Lee, D. G. Long, S. Madrinán, O. Maurin, I. Meusnier, S. G. Newmaster, C.-W. Park, D. M. Percy, G. Petersen, J. E. Richardson, G. A. Salazar, V. Savolainen, O. Seberg, M. J. Wilkinson, D.-K. Yi y D. P. Little.] 2009. A DNA barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)*, 106: 12794-12797

**Hebert, P. D. N.; A. Cywinska; S. L. Ball & J. R. deWaard.** 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of Royal Society of London B* 70: 313-321

**MEXBOL.** El código de genético de la vida-México. <http://200.12.166.180/>. Acceso Agosto 2012

**IBOL.** International barcode of life. <http://ibol.org/>. Acceso Agosto 2012





<b>Fósforo disponible en dos fuentes orgánicas por acción de bacterias solubilizadoras de fósforo aisladas de un suelo cultivado con piña (<i>Ananas comosus</i>)</b> YOLANDA CÓRDOVA BAUTISTA, MARCIA EUGENIA OJEDA MORALES, MIGUEL ÁNGEL HERNÁNDEZ RIVERA, GABRIEL MARTÍNEZ VÁZQUEZ & GABRIEL MARTÍNEZ PEREYRA.....	5
<b>Digestores anaerobios: una alternativa para el tratamiento de residuos orgánicos y aprovechamiento del biogás</b> JOSÉ AURELIO SOSA OLIVIER & JOSÉ RAMÓN LAINES CANEPA.....	11
<b>Sorción de hidrocarburos en raíces de plantas fitorremediadoras</b> MARTHA GABRIELA ZURITA CRUZ & ERIKA ESCALANTE ESPINOZA.....	17
<b>Las colecciones del Jardín Botánico J. N. Rovirosa de la DACBIol y su importancia en la educación ambiental</b> SILVIA CAPPELLO GARCÍA, LUISA DEL CARMEN CÁMARA CABRALES, MA. GUADALUPE RIVAS ACUÑA, ELÍAS JOSÉ GORDILLO CHÁVEZ, RODRIGO GARCÍA MORALES & MARÍA DEL ROSARIO BARRAGÁN VÁZQUEZ.....	23
<b>Freshwater rotifer: (part II) a laboratory study of native freshwater rotifers <i>Brachionus angularis</i> and <i>B. quadridentatus</i> from Tabasco</b> JEANE RIMBER INDY, SALOMÓN PARAMO DELGADILLO, LENIN ARIAS RODRÍGUEZ, GABRIEL MÁRQUEZ COUTURIER, HENDRIK SEGERS, CARLOS ALFONSO ÁLVAREZ GONZÁLEZ & WILFRIDO MIGUEL CONTRERAS SÁNCHEZ.....	31
<b>Aplicación y beneficios de los inóculos bacterianos en la fitorremediación de suelos contaminados con hidrocarburos</b> SARA PÉREZ MONTERO, ILDEFONSO JESÚS DÍAZ RAMÍREZ & ERIKA ESCALANTE ESPINOSA.....	39
<b>Transformación genética de eucariotas</b> YAZMIN HERNÁNDEZ DÍAZ & ALINNE AUDREI MARTÍNEZ LÓPEZ.....	45
<b>Áreas de oportunidad para mejorar el plan de monitoreo y gestión de la calidad de aire en Tabasco</b> GABRIELA SASTRE DE DIOS, YESICA LÓPEZ RODRÍGUEZ, AIDA ARACELY RAMÍREZ ALEJANDRE, CLAUDIA CRISTELL AGUILAR CÓRDOVA, LUIS ALBERTO MARTÍNEZ GARCÍA & ELIZABETH MAGAÑA VILLEGAS.....	53
<b>Códigos de Barras de ADN una nueva herramienta para la sistemática</b> CARLOS MANUEL BURELO RAMOS, LIDIA IRENE CABRERA MARTÍNEZ, PATRICIA ROSAS ESCOBAR, MARÍA DE LOS ÁNGELES GUADARRAMA OLIVERA & NELLY DEL CARMEN JIMÉNEZ PÉREZ.....	61
<b>Análisis y perspectivas del derecho ambiental en Tabasco</b> OCTAVIO MIRANDA AGUADO.....	65
<b>Casas VIETAB: construcción verde y azul</b> CARLOS RODRÍGUEZ JIMÉNEZ, NOEMÍ MÉNDEZ DE LOS SANTOS, MERCEDES WADE ALEJO & JOSÉ RAMÓN LAINES CANEPA.....	71



ISSN - 1665 - 0514