

BIODIVERSIDAD EN CAMPECHE



Foto: Centro EPOMEX-UAC.

DIVERSIDAD GENÉTICA



Aída Martínez Hernández
Coordinadora

La diversidad genética se refiere a la variedad que existe en el contenido genético entre los individuos de una especie, ya sea animal (incluyendo humanos), vegetal o microorganismo. La diversidad a nivel genético se ubica en el nivel basal de la pirámide de la biodiversidad. La diversidad entre individuos a nivel genético se basa en las diferencias que existen entre ellos en cuanto a las “secuencias de nucleótidos”¹ de sus “ADN” (Ácido Desoxiribonucleico). El ADN es la materia química en la que se almacena la información que define las características de cada individuo, así como su pertenencia a una especie dada. El ADN entre los individuos de una misma especie es altamente “conservada” o similar, lo que los hace compartir características físicas, biológicas y de comportamiento. Sin embargo, existen pequeñas diferencias entre los individuos de una misma especie en la secuencia de sus ADN, denominada variabilidad genética, que pueden o no tener efecto sobre las características visibles de los organismos. A mayor número de diferencias en la secuencia o estructura del ADN entre los individuos de una población, mayor es la diversidad genética en dicha población.

¹ Las “secuencias de nucleótidos”: Los nucleótidos son los elementos con los cuáles se construye el ADN. Hay cuatro tipos de nucleótidos: Adenina(A), Timina(T), Guanina(G) y Citosina(C). Una molécula de ADN está construida por dos cadenas de nucleótidos. Cada cadena del ADN es una hilera de miles o millones de nucleótidos, dependiendo del organismo, unidos uno detrás de otro. El orden o la secuencia de los 4 nucleótidos (A,T,C,G) a lo largo de la cadena es variable, pero no al azar, ya que con dicho orden se estructuran los genes y las secuencias regulatorias que codifican y determinan las características de cada organismo. La sustitución o ausencia de un nucleótido, o de todo un fragmento de ADN, puede tener importantes repercusiones en las características del organismo. No obstante, dichos cambios ocurren de forma natural cada cierto tiempo, y son heredables; lo cual conduce a que dentro de una población de una misma especie haya diferencias entre las cadenas de ADN (genotipo) y entre las características físicas (fenotipo) de los individuos (diversidad genética).

En términos ecológicos, la diversidad genética dentro de la población de una especie dada (diversidad intraespecífica), es un reflejo de la “salud” de la misma. Una población altamente homogénea en cuanto a sus características genéticas resulta altamente susceptible a cambios medioambientales. Adicionalmente, en el caso de aquellas especies que se reproducen sexualmente, una población con baja diversidad genética entre sus individuos llega a presentar incompatibilidad reproductiva y acumulación de mutaciones manifestadas como alteraciones congénitas. Por el contrario, una población con alta diversidad genética, es una población que tiene más probabilidades de adaptación ante nuevas condiciones medioambientales. Además, evita más fácilmente los efectos de mutaciones negativas si posee entre sus integrantes genes dominantes que proporcionan características más vigorosas a la población; Por ello los proyectos para diagnosticar el estado de conservación de una población o un ecosistema, así como los programas de conservación de una especie animal o vegetal, deben incluir estudios para determinar el índice de diversidad genética de la(s) población(es) de interés y complementar la información comúnmente utilizada, obtenida con el seguimiento y la contabilización numérica de los individuos de una especie amenazada o en peligro de extinción en una población o región.

Adicionalmente a las ventajas competitivas en términos ecológicos y de adaptación a cambios en el medio ambiente que posee una población con alta diversidad genética, una población o un conjunto de variedades de una misma especie enriquecida en características (y genes) diferentes, es considerada de alto valor potencial; ya que es vista como un “reservorio” de genes que pueden ser de utilidad práctica para el ser humano.

Para proteger y aprovechar la biodiversidad (*e.g.* la que habita dentro de las áreas protegidas), es necesario estudiar las comunidades bióticas de los ecosistemas: identificar las especies que ahí habitan, caracterizar sus poblaciones, su abundancia y distribución, descri-

bir la estructura de sus comunidades, comprender su relación con el medio ambiente e interacción con otros organismos, definir su papel dentro del ecosistema, etc. Para ello no basta describir los ecosistemas a nivel especie, sino que es necesario comprender su estado de diversidad a nivel genético. Esta información permite diseñar acciones y estrategias de preservación y rescate, y realizar un aprovechamiento racional y sustentable de la enorme riqueza de los recursos naturales bióticos y genéticos.

Describir la diversidad genética de una población o de un conjunto de organismos emparentados entre sí tiene numerosas aplicaciones. En el contexto de estudios ecológicos se requiere para estudiar la estructura de las poblaciones; determinar el nivel de diversidad intraespecífica dentro de poblaciones o subpoblaciones; para establecer relaciones entre poblaciones de diferentes regiones y analizar el flujo genético entre poblaciones de diferentes regiones; realizar análisis de migraciones; detectar eventos de cruzamiento intra o interespecíficos; identificar eventos de pérdida de diversidad genética en una región; diagnosticar el grado de erosión genética en una población en peligro de extinción; identificar áreas de alta diversidad genética; estudiar el impacto de la fragmentación de poblaciones; caracterizar nuevas poblaciones diferenciadas por aislamiento geográfico; etc.

Los estudios de diversidad genética son también útiles para determinar el estado de “salud” de los ecosistemas. Por ejemplo, un sustrato rico en microorganismos, con alta diversidad a nivel especie, es un sustrato más capaz de mantener los ciclos biogeoquímicos requeridos para la sustentabilidad de todas las especies en dicho ecosistema. Así, el nivel de diversidad genética de un suelo puede ser un indicador de su estado de conservación, recuperación o degradación. De forma contraria, una alta dominancia de una especie en un lecho acuoso puede ser un indicativo de un alto grado de contaminación en el sitio, conduciendo a la eliminación de la diversidad de especies y a la sobrepoblación de una especie tolerante.



Variabilidad genética en hongos entomopatógenos determinada por Amplificación al Azar de Fragmentos Polimórficos (RAPD), aislados de diferentes fuentes en el estado de Campeche. Carriles: M, marcador de peso molecular 1kb; 1-7, *Metarhizium anisopliae*; 8-18 *Beauveria bassiana*; 19, *Paecilomyces* sp; 20, *Cordyceps cardinalis*.



Foto: María Andrade, PRONATURA-PY.

El análisis de las poblaciones a nivel genético es además una herramienta que coadyuva a determinar cuál es el sitio de origen de una especie y la historia de su dispersión a otras regiones. Así, en un contexto agrícola o forestal los estudios de diversidad genética son útiles para definir centros de origen, domesticación o diversificación de un cultivo; establecer un perfil o huella genética que caracteriza a la especie, organismo o variedad en estudio, datos que son útiles para su identificación o para el registro de nuevas variedades con utilidad económica; para establecer programas de conservación y de mejoramiento, mediante el seguimiento de cruza e híbridos; estudiar el efecto de la selección humana y de los programas de mejoramiento, así como el impacto de la deforestación o cambios ambientales provocados por el humano; para estudiar poblaciones de plagas y enfermedades, o para identificar variedades resistentes a enfermedades y plagas.

Incluso en salud humana, los estudios de diversidad genética tienen también muchas aplicaciones; por ejemplo: son requeridos para identificar polimorfismos moleculares (variaciones genéticas) que permitan detectar enfermedades humanas congénitas; diferenciar entre agentes patógenos con diferente grado de patogenicidad; identificar o diferenciar vectores de enfermedades; caracterizar poblaciones de plagas o agentes patógenos susceptibles o resistentes a un fármaco; etc.

Los estudios de diversidad genética son también útiles en la identificación de polimorfismos moleculares asociados a características de interés agrícola, médico, biotecnológico o industrial, de cualquier tipo de organismos: plantas, ganado, algas marinas, reptiles o microorganismos. Con dicha información, es factible realizar programas de mejoramiento genético dirigido o de clonar y patentar los genes responsables de dichas características.

Para realizar estudios de diversidad genética se utilizan técnicas especializadas con “marcadores moleculares” diseñadas para analizar el ADN y detectar sus diferencias entre los individuos. Técnicas dirigidas a la comparación y evaluación de diferencias entre proteínas denominadas “isoenzimas” también han sido utilizadas como una manera de evaluar la biodiversidad a nivel genético. Muchas de las técnicas de marcadores moleculares utilizadas para estudiar la diversidad genética analizando el ADN emplean una técnica denominada “PCR”, por las siglas en inglés de “reacción en cadena de la polimerasa”. Esta reacción permite “amplificar” fragmentos de ADN conocidos o al azar, para poder visualizar mediante “electroforesis” los “patrones de bandeo” de ADN generados, los cuales dependen de la secuencia génica del individuo analizado. La electroforesis es útil para separar y visualizar los distintos fragmentos de ADN de diferente tamaño resultantes de la reacción de PCR. Los patrones de bandeo pueden ser específicos para un individuo, para una especie o para una subpoblación geográficamente aislada (“huella genética”), por lo que es ampliamente utilizada como método de identificación. La reacción de PCR se combina con otras estrategias técnicas para dar lugar a los muy diversos tipos de marcadores moleculares (RAPDs, AFLPs, SNPs, SRRs, etc.). Adicionalmente, el PCR es una herramienta de diagnóstico que permite identificar microorganismos, como patógenos y virus, y hacer un seguimiento puntual de poblaciones dentro de un ecosistema que ayudan a esclarecer los nichos ecológicos de ciertos microorganismos.

Estado actual de los estudios sobre diversidad genética

Aída Martínez Hernández

Campeche, junto con otros estados del sureste mexicano, se encuentra situado en la región con mayor biodiversidad del país: la zona de transición entre el neotrópico y el neártico que forma parte de Mesoamérica, una de las regiones biogeográficas más complejas del mundo por su larga y compleja historia geológica. Por su riqueza natural, en el estado se han establecido diversas zonas protegidas, algunas de ellas de enorme relevancia como la Reserva de la Biosfera de Calakmul, la segunda región más extensa en Latinoamérica de selva tropical protegida; o la laguna de Términos, recién propuesta a ser nombrada Patrimonio Natural de la Humanidad. Adicionalmente, las zonas protegidas del estado forman parte del corredor biológico mesoamericano.

Numerosas especies silvestres terrestres y marinas, tanto mamíferos como aves, reptiles, moluscos, crustáceos, microorganismos, etc. que habitan la región; así como especies cultivadas y domésticas cuyo centro de origen, domesticación o diversificación está localizado en la península de Yucatán; así como especies locales que tienen el potencial de ser utilizadas como cultivos alternativos o de ser reproducidas en cautiverio; e incluso especies que son dañinas al hombre por que afectan cultivos, especies domésticas o la salud humana; deben ser caracterizadas genéticamente, y la diversidad genética de sus poblaciones deben ser analizadas. Por ejemplo, en las zonas protegidas que están en proceso de análisis por la UNESCO para ser declaradas Patrimonio Natural de la Humanidad, sería deseable desarrollar proyectos de caracterización de diversidad genética de diversas especies particularmente relevantes, en tales regiones, por su endemismo o por estar en amenaza o peligro de extinción. Por el contrario, la riqueza biológica del estado de Campeche ha sido sólo parcialmente descrita a nivel especies y a nivel genético, la descripción de la biodiversidad en el estado es mínima, casi inexistente; y no existen estudios donde se analice el impacto de las actividades humanas sobre la diversidad genética de las especies que habitan el estado o la microbiota de suelos y aguas que resulten perturbadas. Dentro de los pocos estudios



Foto: María Andrade, PRONATURA-PY.

de diversidad genética que se han realizado, incluyendo muestras del estado, en la mayoría de los casos se incluyen solo algunos muestreos puntales colectados en el estado, y no están dirigidos a realizar una descripción amplia y detallada de una especie o población específicamente en esta región; otros trabajos están apenas en progreso y otros hacen una caracterización a nivel genético de una especie para su identificación, pero no hacen propiamente una caracterización de la diversidad genética dentro de la población.

Es muy importante considerar que, al igual que otros, el estado de Campeche posee características que pone en alto riesgo su riqueza biológica; por ejemplo, se cuenta entre los estados en los que se registra una mayor tasa de deforestación, lo que provoca una gran pérdida de biodiversidad en las zonas que no se encuentran protegidas; desarrolla actividades humanas que conllevan un alto riesgo ecológico, como la extracción petrolera; y no ha iniciado líneas contundentes de acción dirigidas a caracterizar plenamente su riqueza biológica y a establecer programas de protección y desarrollo apoyando preferentemente proyectos sustentables en equilibrio con su biodiversidad, como el ecoturismo, sobre proyectos de desarrollo económico que trastoquen dicha riqueza. El inicio de estas acciones no debe seguirse postergando.

A continuación se presentan algunos de los escasos estudios identificados en los que se hace alguna caracterización genética de animales, plantas, microorganismos o poblaciones humanas en muestras colectadas en el estado de Campeche.

Diversidad genética en fauna

Aída Martínez Hernández

INTRODUCCIÓN

En el estado existen especies de animales cuyo estudio y conservación es de gran relevancia ecológica, ya sea porque están en peligro de extinción, porque este estado es parte de las pocas regiones donde aún se les encuentra, por su endemismo o porque en esta región existe una gran abundancia y diversidad intra o interespecífica. Entre las especies silvestres ecológicamente relevantes para el estado destacan tanto especies de mamíferos como de aves, reptiles, insectos, especies acuáticas, entre otras; las cuáles deberían ser descritas a nivel de diversidad genética; sin embargo no lo están. Otras especies de animales relevantes para el estado, por su importancia económica o en el consumo humano o por su papel en la transmisión de enfermedades a humanos, a especies animales domesticadas o a cultivos tampoco han sido caracterizadas apropiadamente en cuanto a su diversidad genética.

En la presente sección se describen estudios de diversidad genética en los cuales se incluyen algunos muestreos realizados en el estado de Campeche. Los estudios identificados en la revisión aquí realizada se presentan agrupados en base a su enfoque en fauna silvestre, principalmente mamíferos, en los cuales se incluyen especies silvestres con potencial de reproducción doméstica para producción sustentable, y aves; especies acuáticas, principalmente marinas y algunas de agua dulce; e insectos, incluyendo tanto insectos plaga y vectores de enfermedades, como insectos benéficos. La sección también incluye, como casos de estudio, algunos trabajos referentes al camarón blanco, turiones y aves; realizados o en progreso; desarrollados en el estado de Campeche.

ESTUDIOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN FAUNA SILVESTRE

Entre las especies que habitan en el estado, cuyas poblaciones deberían ser urgentemente caracterizadas en cuanto a su diversidad genética con el fin de valorar el estado de la población y optimizar los programas de conservación y recuperación de sus poblaciones; se consideran las diversas especies amenazadas o en peligro de extinción; entre ellas varias especies de mamíferos como jaguares y otros felinos, primates, tapires; así como aves, reptiles, diversas especies marinas e insectos; entre otras.

Entre los escasos estudios hallados que analizan la diversidad genética de algunas de las numerosas especies silvestres que habitan en el estado, identificamos algunos trabajos dirigidos a tratar de caracterizar primates que habitan en el estado y que pertenecen a especies amenazadas, como monos araña y monos aulladores. Amendola-Pimenta *et al.* (2008) reportan, en un par de artículos recientes, sus resultados respecto a técnicas de muestreo no invasivo y al estado del hábitat y la variabilidad genética del mono aullador (*Alouatta pigra*) en Campeche; sugiriendo que las actividades humanas están afectando la estructura genética del mono aullador en este estado (Amendola-Pimienta *et al.*, 2008; Amendola-Pimienta, 2009; Amendola-Pimienta *et al.*, 2009). Otros estudios en poblaciones de monos del sureste mexicano utilizando técnicas de muestreo no invasivo, a partir de DNA fecal, se reportan en progreso (García del Valle *et al.*, 2005; <http://www.primatesmx.com/fecalDNAespan.htm>).

El tepezcuintle (*Agouti paca*) es otra especie silvestre habitante del estado que ha sido muestreada en esta región dentro de un estudio de diversidad genética (Montes-Pérez *et al.*, 2006). En dicho estudio se reportan diferencias genéticas entre un grupo muestreado en Campeche respecto a los muestreados en Quintana Roo.

También se han reportado avances en el estudio de cérvidos comparando a nivel morfológico y genético a tres especies: *Mazama americana* (venado rojo), *M. pandora* (Venado café de la península de Yucatán), y *Odocoileus virginianus* (venado cola blanca) (Smith *et al.*, 2004).

El cerdo pelón o criollo, adaptado a la región, se propone como fuente de variabilidad genética para especies comerciales, y ha sido señalado como en riesgo de extinción (Sierra-Vázquez, 2000). Cetz-Solis *et al.* (2008) reportan la comparación entre la diversidad genética de los cerdos pelones de los tres estados de la península de Yucatán, mostrando que la mayor divergencia y la mayor diversidad se encuentra en el estado de Campeche, información relevante sobre la cual se pueden apoyar programas de conservación y manejo.



Foto: José del Carmen Puc Cabrera, ECOSUR.

Además de los estudios mencionados, en esta revisión se identificaron reportes de estudios de diversidad genética de especies silvestres relevantes para el estado que están siendo realizados en poblaciones de otros países o regiones, y cuyas poblaciones también deberían ser caracterizadas en el estado; por ejemplo el pecarí de collar (Yoon-Yee Chong, 2009). Los trabajos realizados en otras regiones sirven como base técnica y científica para facilitar y acelerar los estudios a realizarse en el estado.

Como parte de los esfuerzos realizados para iniciar la caracterización de los recursos genéticos del estado, diversas instituciones de investigación del estado propusieron en 2006 la inclusión en las convocatorias FOMIX de una demanda específica enfocada a apoyar propuestas de proyectos para caracterizar genéticamente algunas especies de importancia para la región. De dicha convocatoria resultó apoyado un proyecto para determinar la huella genética de murciélagos frugívoros del estado (Proyecto FOMIX-Campeche CAMP-2008-C01-95900, en desarrollo; consultado en http://www.fomixcampeche.gob.mx/Contenido/ListCientificos.aspx?TB_iframe=true&height=500&width=830); sin embargo existen numerosas especies adicionales que deben ser caracterizadas genéticamente, por lo que sería recomendable que dicha demanda sea nuevamente incluida en las próximas convocatorias, y complemente los esfuerzos que a nivel nacional se pretenden impulsar a través de la Red temática del Código de Barras de la vida en México (<http://www.conacyt.mx/>).

Entre las numerosas especies silvestres del estado que deben ser caracterizadas genéticamente, además de las especies de mamíferos, se deben considerar también anfibios, reptiles como cocodrilos, tortugas o lagartijas partenogénicas, y aves. Las aves del estado están poco estudiadas a cualquier nivel de estudio de biodiversidad, sólo algunas especies han recibido especial atención, y pocos datos de Campeche aparecen en el atlas de las aves de México. Un ejemplo de aves para las cuales urge se les caracterice genéticamente, es el Jabirú gigante

(*Jabiru mycteria*); el cual se encuentra en peligro de extinción y varios de los contados últimos individuos aún habitan en la laguna de Términos. Una evaluación no invasiva de la diversidad genética de la población existente, la cual se ha estimado es apenas de un ciento de aves, contribuiría a definir si aún es posible la recuperación de la especie. Otras especies de aves que se encuentran amenazadas y que se requiere caracterizar genéticamente son la cigüeña (*Mycteria americana*), el halcón peregrino (*Falco peregrinus*) y el águila pescadora (*Pandion haeliaetus*). Como ejemplo del estado de descripción de la diversidad genética en aves en el estado, se presenta un caso de estudio a este respecto.

ESTUDIOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN ESPECIES MARINAS Y DE AGUA DULCE

Existen publicados varios estudios que abordan la diversidad genética de recursos marinos del Golfo de México; en los cuales se muestreó en aguas de la bahía o del banco de Campeche. Por su importancia económica, varios de estos estudios se enfocan a diversos recursos pesqueros como camarones, peces, otros crustáceos y moluscos.

Lester, desde 1979, aportó una caracterización de camarones peneidos (Lester, 1979). Más recientemente Ball y Chapman (2003) detectan una ligera variación entre las poblaciones de camarón blanco (*Litopenaeus setiferus*) de la bahía de Campeche con respecto a las muestreadas en la zona oeste del océano Atlántico (Florida). Los autores sugieren que ambas poblaciones podrían haber sido separadas recientemente y que aún podría existir un cierto grado de flujo genético, de forma tal que la gran homogeneidad genética se debe al intercambio genético entre las poblaciones y a migraciones. Staton *et al.* (2000), analizan poblaciones del camarón fantasma del género *Lepidophthalmus* el cual, hasta hace poco tiempo había sido consi-

derado como una sola especie. El estudio; el cual incluye sólo un muestreo realizado en Campeche, concluye que las poblaciones de *Lepidophthalmus* del Golfo de México pertenecen a tres distintos linajes, establece las distancias genéticas entre ellos y determina la distribución geográfica de cada linaje en el Golfo. En este estudio se muestra además que la población de Campeche contiene individuos pertenecientes a dos distintos linajes genéticos. También existen reportes respecto a la diversidad genética del camarón rosado (Mc-Millen-Jackson y Bert, 2004), una especie abundante en la bahía de Campeche cuyas poblaciones han declinado hasta en un 60% en los últimos 15 años (Navarette *et al.*, 1995). Un reciente reporte sobre la *Artemia* incluye una sola muestra tomada en aguas de Campeche (Tizol-Correa *et al.*, 2009).

Al respecto se incluye un caso de estudio en el cual se analiza la variabilidad genética del camarón blanco *Litopenaeus setiferus*, incluyendo muestras del estado de Campeche.

Con respecto a moluscos, De la Rosa Vélez reporta un análisis realizado en laguna de Términos sobre ostiones (De la Rosa Vélez y Rodríguez-Romero, 1989; De la Rosa Vélez, 1986). Del caracol manzana (*Pomacea flagellata*), se comparó el cariotipo y el perfil electroforético de proteínas de muestras colectadas a lo largo del Golfo de México, incluyendo laguna de Términos, y se compararon contra la especie endémica del lago de Catemaco *P. patula catemacensis*; documentando las diferencias encontradas entre las especies en el largo de los cromosomas y el perfil electroforético, y reportando que no se encontraron diferencias sustanciales intraespecíficas asociadas a la distribución geográfica de los especímenes de *Pomacea flagellata* analizados (Diupotex-Chong *et al.*, 2007). Otras especies importantes, el caracol rosado (*Strombus gigas*) y el caracol rojo (*Chac pel*) no han sido caracterizadas genéticamente.

Entre numerosas especies de peces comestibles comercialmente importantes para el estado, sólo el sargo ha sido caracterizada gené-



Foto: Gerardo Rivas Hernández, UNACAR.

ticamente. Anderson *et al.* (2008) reporta una muy limitada subdivisión genética entre las distintas subespecies analizadas, a pesar de las grandes diferencias morfológicas entre ellas. Análisis de diversidad genética son requeridos para complementar estudios de poblaciones de peces, realizados en el estado pero basados sólo en caracteres morfométricos; como el mero (*Epinephelus morio*) (Lombardi-Carlson *et al.*, 2008; Arreguín-Sánchez *et al.*, 1996), o el peto o carito (*Scomberomorus cavalla*) (Arreguín-Sánchez *et al.*, 1995).

Además de los recursos pesqueros, otras especies marinas que deben ser caracterizadas genéticamente y analizar la diversidad genética de sus poblaciones en las costas estatales son el manatí (*Trichechus manatus*), las tortugas marinas (*Caretta caretta*, *Lepidochelys kempii*, *Eretmochelys imbricata* y *Chelonia mydas*), además de langostas, cetáceos, aves marinas y tiburones, entre otras. Estos estudios servirían para complementar estudios realizados en otras regiones, como el realizado sobre tortugas muestreado en Quintana Roo (Reece *et al.*,



Foto: Oscar Retana, CEDESU-UAC.

2005), para monitorear las poblaciones y generar información valiosa sobre la distribución geográfica y el comportamiento migratorio de estas especies; así como para caracterizar especies muy poco conocidas, como es el caso del tiburón pejegato de Campeche (*Parmaturus campechiensis*), cuyo único ejemplar hasta ahora descrito fue capturado en aguas del estado.

Un grupo de organismos marinos para los cuales es muy importante desarrollar estudios de diversidad genética son los corales. Estos estudios servirían para describir el estado de los mismos en los arrecifes del banco de Campeche, y complementar estudios como el realizado por Hernández-Arana (2003).

El cangrejo herradura, un animal ancestral cuya hemolinfa tiene diversas aplicaciones biomédicas, se ha comenzado a estudiar en cuanto a su diversidad y flujo genético entre diferentes regiones geográficas (King *et al.*, 2005).

En cuanto a especies acuáticas de agua dulce, hay aún menos estudios realizados. Un género abordado en diversos trabajos es el *Astyanax*. Ornelas-García *et al.* (2008) realizan un estudio en este género por ser un tipo de peces muy diverso y ampliamente distribuido en América, por lo que lo utilizan como modelo para desarrollar hipótesis relativas a la historia de su actual distribución biogeográfica, relacionando sus resultados con la compleja historia geológica de Mesoamérica. Este estudio, en el que se analizan datos geográficos, morfológicos y genéticos, incluye diversas muestras colectadas en el estado. Utilizando técnicas de análisis genético como las empleadas por Ornelas-García (2008), o por Panaram y Borowsky (2005), se podrían aclarar controversias relativas a parentesco, similitud, identidad o endemismos de una especie; hasta ahora sólo sostenidas sobre caracteres morfométricos; como en el caso de la “sardinilla” de Campeche (*Astyanax armandoi*), que originalmente había sido descrita como una especie endémica de la región por Lozano-Vilano y Contreras-Balderas en 1990, y que posteriormente se ha propuesto que es en realidad un eco-

tipo de la especie *Astyanax aeneus* por Schmitter-Soto *et al.* (2008). Por las particulares características de su hábitat, también se considera relevante caracterizar genéticamente las especies acuáticas de los cenotes.

ESTUDIOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA EN PLAGAS O EN INSECTOS DE IMPORTANCIA ECONÓMICA

Entre los estudios de diversidad genética a realizar en el estado, es importante considerar plagas (insectos, moluscos o mamíferos) que afecten cultivos, ganado u otros animales domésticos; y que pueden transmitir enfermedades a los humanos, especies domésticas o fauna silvestre. Respecto a estudios de diversidad genética realizados en insectos plaga, Johnson *et al.* (2002) analizaron los piojos de distintos tipos de palomas (géneros *Physconelloides* y *Columbicola*), en el cual incluyeron un amplio muestreo en diversas localidades del estado y compararon la diversidad genética dentro de poblaciones colectadas a partir de los dos géneros de hospederos. Los autores reportan diferentes estructuras génicas entre las poblaciones de piojos analizadas en ambos géneros de palomas; y relacionan la alta diversidad encontrada entre distintas poblaciones de piojos de *Physconelloides* (similar a la interespecífica), con su mayor especificidad por el hospedero.

Otros insectos que deberían ser analizados con el fin de identificar y caracterizar genéticamente subpoblaciones sensibles a tratamientos para el control de vectores y plagas son: otros ectoparásitos, como las garrapatas, de gran abundancia en la región; o mosquitos y áfidos, transmisores de enfermedades. Una especie plaga que ha sido estudiada en regiones aledañas al estado, y que es importante porque afecta la producción de cultivos, es la del Gusano cogollero (*Spodoptera frugiperda*). Clark *et al.* (2007) analizaron poblaciones colectadas desde Norteamérica hasta Sudamérica y encontraron que hay una mayor diversidad dentro de una misma población que entre poblaciones,

sugiriendo entrecruzamiento entre las distintas poblaciones. Estudios de diversidad genética realizados en insectos transmisores de enfermedades humanas son mencionados en la sección correspondiente.

Por otra parte, entre los insectos que merecen especial atención se encuentran especies de importancia económica muy relevantes para el estado, como las abejas. Quezada-Euán *et al.* (2007) reportan una alta divergencia morfológica y genética entre abejas de la península de Yucatán y las de Costa Rica. Estudios de diversidad genética más amplios dentro de la península coadyuvarían a determinar la estructura genética de las poblaciones, caracterizar especies regionales como la abeja melipona, determinar el grado de africanización y a describir poblaciones útiles para eventuales programas de mejoramiento dirigido a incrementar la producción de miel, aprovechando la información del genoma de la abeja que ya ha sido publicado (The Honeybee Genome Sequencing Consortium, 2006).

Otros insectos, todos con importantes papeles en los diversos ecosistemas del estado, también deberían ser descritos a nivel genético.



Foto: Ricardo Góngora, UAC.

REFERENCIAS

- Améndola-Pimenta M., 2009. Estudio de la variabilidad genética en poblaciones de *Alouatta pigra* del estado de Campeche: implicaciones para la conservación. Tesis de Doctorado. Instituto de Ecología A.C.
- Amendola Pimenta M., V. Rico-Gray, y D. Piñero Dalmau, 2008. Habitat disturbance and genetic variability of populations of black howler monkey (*Alouatta pigra*) in Campeche, Mexico: Implications for conservation. Abstracts of American Society of Primatologists Conference (<http://www.asp.org/asp2008/abstractDisplay.cfm?abstractID=2434&confEventID=2473>)
- Améndola-Pimenta M., L. García-Feria, J.C. Serio-Silva, y V. Rico-Gray, 2009. Noninvasive collection of fresh hairs from free-ranging howler monkeys for DNA extraction. *American Journal of Primatology*, 71(4): 359-363.
- Anderson JD., WJ. Karel, KA. Anderson, y PA. Roper-Foo, 2008. Genetic assessment of sheepshead stock structure in the Northern Gulf of Mexico: Morphological divergence in the face of gene flow. *North American Journal of Fisheries Management*, 28: 592-606.
- Arreguín-Sánchez F., MA. Cabrera, y FA. Aguilar, 1995. Population dynamics of the king mackerel (*Scomberomorus cavalla*) of the Campeche Bank, Mexico. *Sci. Mar.*, 59(3-4): 637-645.
- Arreguín-Sánchez F., M. Contreras, V. Moreno, R. Burgos, y R. Valdés, 1996. Population dynamics and stock assessment of Red Grouper (*Epinephelus morio*) fishery on Campeche Bank, México. p 202-217. In: F. Arreguín-Sánchez, J. Munro, M. Balgos M, and D. Pauly (eds.). *Biology, Fisheries, and Culture of Tropical Groupers and Snappers*. ICLARM (International Center for Living Aquatic Resources Management) Conference Proceedings 48. ICLARM Phillipines and Programa de Ecología, Pesquerías, y Oceanografía del Golfo de México. Universidad de Campeche. Campeche, Mexico. 499 p.
- Ball AO., y RW. Chapman, 2003. Population genetic analysis of white shrimp, *Litopenaeus setiferus*, using microsatellite genetic markers. *Molecular Ecology*, 12(9):2319-2330.
- Cetz-Solis F., A. Sierra-Vasquez, A. Da Silva-Mariante, S. Rezende-Paiva, C. Cruz-Vazquez, y C. Lemus-Flores, 2008. Molecular analysis of the Mexican hairless pig in the Yucatan Peninsula. *Journal of Animal Science*, 86 (E-Suppl. 2/J, Abstract W57).
- Clark PL., J. Molina-Ochoa, S. Martinelli, SR. Skoda, DJ. Isenhour, DJ. Lee, JT Krumm, y JE. Foster, 2007. Population variation of the fall armyworm, *Spodoptera frugiperda*, in the western hemisphere. *Journal of Insect Science* 7(5), available online.
- Diupotex-Chong ME., NJ. Cazzaniga, y M. Uribe-Alcocer, 2007. Karyological and electrophoretic differences between *Pomacea flagellata* and *P. patula catemacensis*: Caenogastropoda: Ampullariidae. *Biocell*, 31(3):365-373.
- García del Valle Y., A. Estrada, E. Espinoza, C. Lorenzo, y E. Naranjo, 2005. Aspectos de la genética de poblaciones de monos aulladores (*Alouatta pigra*) en hábitat continuo y fragmentado en la selva Lacandona, México: un estudio preliminar. *Universidad y Ciencia*, No. especial II: 55-60.
- Hernandez-Arana, H.A., 2003. Influence of natural and anthropogenic disturbance on the soft bottom macrobenthic community of the Campeche Bank, Mexico. University of Plymouth at Plymouth (United Kingdom). Abstract en Dissertation initiative for the advancement of Climate Change ReSearch .
- Johnson KP., Williams BI., DM. Drown, RJ Adams, y DH. Clayton, 2002. The population genetics of host specificity: genetic differentiation in dove lice (Insecta: Phthiraptera). *Molecular Ecology*, 11(1): 25-38.
- King T., MS. Eackles, y AP. Spidle, 2005. Regional differentiation and sex-biased dispersal among populations of the horseshoe crab *Limulus polyphemus*. *Transactions of the American Fisheries Society*, 134: 441-465.

- Lester LJ., 1979 Population genetics of penaeid shrimp from the Gulf of Mexico. *The Journal of Heredity*, 70(3):175-180.
- Lombardi-Carlson LA., MA. Grace, y DE. de Anda Fuentes, 2008. Comparison of red grouper populations from Campeche Bank, Mexico and West Florida Shelf, United States. *Southeastern Naturalist*, 7(4):651-664.
- Lozano-Vilano M L., y S. Contreras-Balderas, 1990. *Astyanax armandoi*, n. sp. from Chiapas, Mexico (Pisces, Ostariophysi: Characidae) with a comparison to the nominal species *A. aeneus* and *A. mexicanus*. *Universidad y Ciencia*, 7:95-107.
- McMillen-Jackson AL., y TM. Bert, 2004. Genetic diversity in the mt DNA control region and population structure in the pink shrimp *Farfantepenaeus duorarum*. *Journal of Crustacean Biology*, 24(1):101-109.
- Montes-Pérez RC., AW. Echeverría García, J. Zavala Castro, y MG. Gamboa, 2006. Nucleotidic variations of two captive groups of tepezcuintle, *Agouti paca* (Rodentia: Agoutidae), from two sites in Yucatan, Mexico. *Rev. de Biología Tropical*, 54(3):911-917.
- Navarette A., H. Garduno, y A. Gracia, 1995. La pesquería de camarón en alta mar: Golfo de México y Caribe Mexicano. *Pesquerías Relevantes de México*. INP, Mexico.
- Ornelas-García CP., O. Domínguez-Domínguez, y I. Doadrio, 2008. Evolutionary history of the fish genus *Astyanax* Baird & Girard (1854) (Actinopterygii, Characidae) in Mesoamerica reveals multiple morphological homoplasies. *BMC Evolutionary Biology*, 8:340-357.
- Panaram K., y R. Borowsky, 2005. Gene flow and genetic variability in cave and surface populations of the mexican tetra, *Astyanax mexicanus* (Teleostei: Characidae). *Copeia*, 2: 409-416.
- Quezada-Euán JJG., RJ. Paxton, KA. Palmer, WJ. May Itzá, W. Tek Tay, y BP. Oldroyd, 2007. Morphological and molecular characters reveal differentiation in a neotropical social bee, *Melipona beecheii* (Apidae: Meliponini). *Apidologie*, 38:247-258.
- Reece JS., TA. Castoe, y CL. Parkinson, 2005. Historical perspectives on population genetics and conservation of three marine turtle species. *Conservation Genetics*, 6:235-251.
- Sierra Vásquez AC., 2000. Conservación genética del cerdo pelón en Yucatán y su integración a un sistema de producción sostenible: primera aproximación. *Archivos de Zootecnia*, 49: 415-421.
- Smith MH, C. Royal, R. Purdue, JM. Novak, T. Oleksyk, y M. Weber, 2004. Genetic and morphological comparisons of cervid species from the Yucatan Peninsula. 84th annual meeting of the American Society of Mammalogists. Humboldt State University. Arcata, California.
- Schmitter-Soto JJ., ME. Valdez-Moreno, R. Rodiles-Hernández, y AA. González-Díaz, 2008. *Astyanax armandoi*, a junior synonym of *Astyanax aeneus* (Teleostei: Characidae). *Copeia*, 2: 409-413.
- Staton JL., DW. Foltz, y DL. Felder, 2000. Genetic variation and systematic diversity in the ghost shrimp genus *Lepidophthalmus* (Decapoda: Thalassinidea: Callinassidae). *Journal of Crustacean Biology* 20(2): 157-169.
- The Honeybee Genome Sequencing Consortium, 2006 Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*. *Nature*, 443(7114):931-949.
- Tizol-Correa R., AM. Maeda-Martínez, PHH. Weekers, L. Torrentera y G. Murugan, 2009. Biodiversity of the brine shrimp *Artemia* from tropical salterns in southern México and Cuba. *Current Science*, 96(1):81-87
- Yoon-Yee Chong A., 2009. Genetic variation in the MHC of the collared peccary: A potential model for the effects of captive breeding on the MHC. *Orbit: The University of Sydney undergraduate research journal*, 1(1):98-116.

*Estudio de caso: hacia el conocimiento del flujo genético del delfín *Tursiops truncatus* en aguas costeras del estado de Campeche*

Eduardo Morteo y Carmen Bazúa Durán

El tursi3n (*Tursiops truncatus*) (figura 1) es uno de los mamíferos marinos más estudiados en todo el mundo (Wells y Scott, 2008). Este delfín tiene una vida larga (hasta 50 años, Wells y Scott, 2008) y habita comúnmente el mar abierto, bahías, esteros, lagunas e incluso ríos (Jefferson *et al.*, 1993). Además, su uso como bioindicador es cada vez más frecuente porque puede acumular algunos tipos de contaminantes (Reynolds *et al.*, 2000). Incluso, el estado de sus poblaciones puede reflejar de manera indirecta la salud del ecosistema al que pertenece, ya que se encuentra en las posiciones más altas de las redes alimenticias, al ser depredador tope (Wells *et al.*, 2004).

Los estudios sobre la genética de esta especie son cada vez más numerosos a nivel mundial (Palsbøll, 1999). En México, la mayoría de estos trabajos se han dedicado a diferenciar poblaciones y/o determinar los movimientos de los individuos a través del rastreo de linajes genéticos (Islas Villanueva, 2005; Segura *et al.*, 2006).

La comunidad de tursiones en la laguna de Términos, Campeche, es una de las mejores estudiadas en México, con investigaciones sobre su estructura y dinámica poblacional, comportamiento, emisiones



Figura 1. Ejemplar de la especie *Tursiops truncatus* fotografiado en la boca del Carmen de la laguna de Términos, Campeche.

acústicas y ciclos de reproducción (Bazúa Durán, 2007). La laguna es un hábitat muy importante para la especie, ya que mantiene condiciones favorables para la alimentación y protección de las crías (Delgado Estrella, 2002; Bazúa Durán, 2007). En más de 15 años, se han identificado alrededor de 3 000 delfines usando patrones de marcas en su aleta dorsal (denominada foto-identificación; Würsig y Jefferson, 1990); este es uno de los valores de abundancia más altos reportados para cualquier población de tursiones en las aguas costeras del país (tabla 1). Además, se han determinado patrones de residencia bien establecidos y de utilización selectiva del hábitat (Delgado Estrella 2002; Bazúa Durán 2007).

Considerando el sur del Golfo de México, se determinó que no existen variaciones morfológicas en la aleta dorsal de los tursiones (Morteo, 2004), probablemente debido a que existe cierto flujo de in-

Tabla 1. Estimación del tamaño poblacional de tursiones para las aguas mexicanas del Golfo de México con estudios de captura-recaptura por foto-identificación.

Autor	Área de estudio	Modelo, estimación (Error Estándar)
Heckel D. (1992).	Boca de Corazones, Laguna de Tamiahua, Veracruz.	Jolly-Seber, 58 (EE 16).
Schramm U. (1993).	Boca de Corazones, Laguna de Tamiahua, Veracruz.	Bailey, 36 (EE 8).
Morteo (2007b).	Alvarado, Veracruz.	Jolly-Seber, 123 (EE 63.4).
López H. (1997)*.	Laguna de Mecoacán, Tabasco.	Bailey, 6660 (EE 92.3).
Delgado E. (1996)*.	Laguna de Yalahau, Q.Roo.	Bailey, 4543.5 (EE 72.44).
Ortega O. (1996).	Bahía de la Ascensión Q. Roo.	Jolly-Seber, 95 (EE 76.9).

dividuos entre las costas de Tabasco, la laguna de Términos y la parte norte de la península de Yucatán (Delgado Estrella, 2002). Por ello, debe existir un gran intercambio de individuos entre zonas (y potencialmente cierto grado de flujo genético); por lo que se puede predecir que la variabilidad genética en este sitio debe ser muy alta.

Islas Villanueva (2005) realizó el muestreo genético de tursiones mantenidos en cautiverio que fueron capturados en aguas del Golfo de México y encontró un alto flujo genético entre los tursiones provenientes de Quintana Roo y Tabasco, con un intercambio de entre 6.8 y 8.2 emigrantes por generación; suficiente para impedir la diferenciación genética entre los animales provenientes de ambos sitios. Sin embargo, dicho estudio no presenta información sobre animales silvestres y no presenta datos de la laguna de Términos.

Por ello, en el año 2006 se inició un proyecto encaminado a complementar el estudio genético del Golfo de México obteniendo muestras de organismos de laguna de Términos hasta 2008. Se realizaron recorridos en lancha mediante la técnica de transectos a lo largo y ancho de la laguna utilizando estaciones predeterminadas (figura 2) (Buckland y York, 2008). Al avistar tursiones se suspendió el transecto, registrando su posición por medio de un geo posicionador satelital (GPS), se estimó el número de animales presentes, se tomaron muestras de tejido epitelial y dérmico de adultos vivos nadando libremente con el método estándar de biopsia con ballesta de mano (Patenaude y White, 1995; Bilgman *et al.*, 2007), se tomaron fotografías de la aleta dorsal de los delfines y se realizaron mediciones de las características del ambiente.

Aunque se obtuvo un éxito de sólo el 6% de delfines con biopsia en todo el muestreo, las biopsias representan tursiones que se encontraron a lo largo de prácticamente toda la laguna (figura 2). Recientemente, Montano Frías (2009) obtuvo los primeros resultados moleculares de los delfines de la laguna de Términos estudiando la variabilidad en los genes del complejo principal de histocompatibilidad clase II (MHC-II). Este complejo MHC-II se relaciona con la respuesta inmune del organismo y puede ser indicador de la historia natural de las poblaciones y su viabilidad a futuro. Se encontró que los delfines de la laguna de Términos tuvieron un mayor grado de variabilidad alélica y, aunque comparten alelos con otras localidades del Golfo de México y el Mar Caribe, presentaron alelos únicos (o raros), lo cual podría estar relacionado con la exposición a diferentes agentes patógenos en su hábitat (Montano Frías, 2009). Estos resultados también muestran que los delfines de la laguna de Términos están sujetos a un mecanismo de selección estabilizadora y que el alto número de alelos raros podría explicarse mediante la coevolución entre hospederos y patógenos en esta localidad. Debido a que existe cierto grado de residencia en algu-

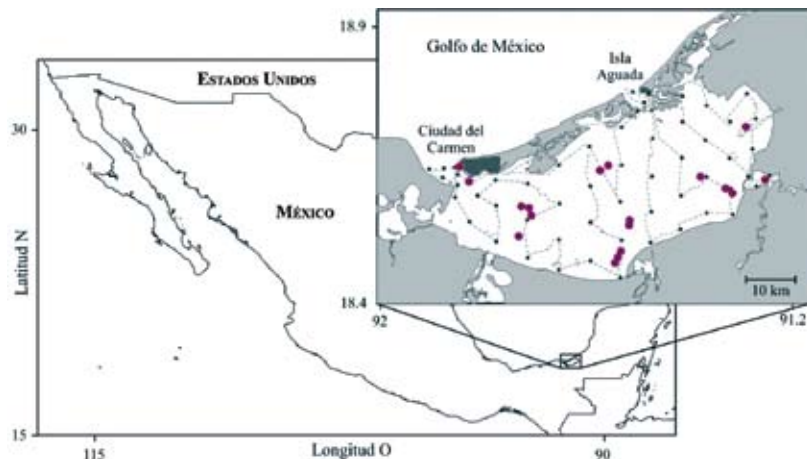


Figura 2. Localización de la laguna de Términos, ejemplificando los transectos seguidos para la búsqueda de manadas de tursiones con base en estaciones predeterminadas mostradas con rombos negros. Los puntos en guinda muestran los lugares en donde se realizó la toma de las biopsias de piel, grasa y músculo de tursiones entre 2006 y 2008.

nos individuos (Delgado Estrella, 2002; Bazúa Durán, 2007), es de esperarse que existan linajes genéticos propios de la zona, y que ésta tenga cierto nivel de estructura genética.

Actualmente, se continúa realizando la comparación de las bases de datos genéticos de tursiones del Golfo de México (e.g. Islas Villanueva, 2005; Montano Frías, 2009) para determinar la variabilidad genética en el Golfo de México y el flujo de genes dentro de la laguna y a partir de ésta hacia el resto de las comunidades de tursiones. Según Islas Villanueva (2005), si la comparación de los datos moleculares da como resultado una estructura genética muy alta, la laguna de Términos funcionaría como un refugio histórico de delfines que alberga linajes antiguos y aumenta la estructura genética presente en las poblaciones.

Con los resultados obtenidos se podrán inferir los procesos evolutivos a los que han estado sujetos los tursiones que habitan este importante sistema ecológico de México, declarado el 6 de junio de 1994 como el Área de Protección de Flora y Fauna “Laguna de Términos”.

Referencias

- Bazúa Durán, C., 2007. Informe final 2003-2006: Protocolo de trabajo de campo y resultados preliminares del proyecto “Las emisiones acústicas de tursiones (*Tursiops truncatus*) del Golfo de México: Aplicaciones al uso de hábitat, variaciones geográficas e identificación individual”. Reporte CAMP-2003-C01-9102-05 FoMix-Edo. de Campeche. México, D.F. 116 pp.
- Bilgman, K., O.J. Griffiths, S.J. Allen, y L.M. Möller, 2007. A biopsy pole system for bow-riding dolphins: sampling success, behavioral responses, and test for sampling bias. *Marine Mammal Science*, 23(1):218-225.
- Buckland, S.T., y A.E. York, 2008. Abundance estimation. p. 1-5. In: W.F. Perrin, B. Würsig and J.G.M. Thewissen (eds.) *Encyclopedia of Marine Mammals*. 2a. ed. Acad. Press. San Diego. 1316 p.
- Delgado Estrella, A., 1996. Ecología poblacional de las toninas *Tursiops truncatus* en la Laguna de Yalahau, Quintana Roo, México. Tesis de Maestría en Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 82 p.
- Delgado Estrella, A., 2002. Comparación de parámetros poblacionales de las toninas, *Tursiops truncatus*, en la región sureste del Golfo de México (estados de Tabasco, Campeche, Yucatán y Quintana Roo). Tesis de Doctorado en Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 160 p.

- Heckel Dziendzielewski, G., 1992. Fotoidentificación de tursiones *Tursiops truncatus* (Montagu, 1821) en la Boca de Corazones de la Laguna de Tamiahua, Veracruz, México (Cetacea: Delphinidae). Tesis de Licenciatura en Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 164 p.
- Islas Villanueva, V., 2005. Genética de poblaciones y fiogeografía de toninas *Tursiops truncatus*, en el sur del Golfo de México y el Caribe. Tesis de Maestría en Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 90 p.
- Jefferson, T.A., S. Leatherwood y M.A. Webber, 1993. Marine mammals of the world. United Nations Environmental Program, FAO, Roma, Italia. 320 p.
- López Hernández, I., 1997. Ecología poblacional de las toninas *Tursiops truncatus* en la costa de Tabasco, México. Tesis de Licenciatura en Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 77 p.
- Montano Frías, J.E. 2009. Polimorfismo en el gen DQ β del Complejo Principal de Histocompatibilidad Clase II en tursiones *Tursiops truncatus* del Golfo de México y Mar Caribe. Tesis de Maestría en Ciencias, CICESE, Ensenada, Baja California. 81 p.
- Morteo, E., 2004. Dorsal fin morphological differentiation in bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) along Mexican coasts: An adaptive approach. Tesis de Maestría en Ciencias, CICESE, Ensenada, Baja California. 131 p.
- Morteo, E., 2007. Estado actual de la comunidad de delfines *Tursiops truncatus* en aguas costeras de Alvarado, Veracruz, México. LABMMARR/001/2007. Lab. de Mamíferos Marinos, Centro de Ecología y Pesquerías, Universidad Veracruzana. 53 p.
- Ortega Ortiz, J.G., 1996. Distribución y abundancia de las toninas *Tursiops truncatus*, en la Bahía de la Ascensión, Quintana Roo, México. Tesis de Maestría en Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 82 p.
- Palsbøll, P.J., 1999. Genetic tagging: contemporary molecular ecology. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68(1-2):3-22.
- Patenaude, N.J. y B.N. White, 1995. Skin biopsy sampling of beluga whale carcasses: Assessment of biopsy darting factors for minimal wounding and effective sample retrieval. *Marine Mammal Science*, 11(2):163-171.
- Reynolds III, J.E., R.S. Wells, y S.D. Eide, 2000. The Bottlenose Dolphin Biology and Conservation. Gainesville: University Press of Florida. 289 p.
- Schramm Urrutia, Y., 1993. Distribución, movimientos, abundancia e identificación del delfín *Tursiops truncatus* (Montagu 1821), en el sur de la laguna de Tamiahua, Ver. y aguas adyacentes (Cetacea: Delphinidae). Tesis de Licenciatura en Biología, Universidad Autónoma de Guadalajara, Guadalajara, Jal. 174 p.
- Segura, I., A. Rocha-Olivares, S. Flores-Ramírez, y L. Rojas-Bracho, 2006. Conservation implications of the genetic and ecological distinction of *Tursiops truncatus* ecotypes in the Gulf of California. *Biological Conservation*, 133(3):336-346.
- Wells, R.S. y M.D. Scott, 2008. Common Bottlenose Dolphin. Pp. 249-255. En: Encyclopedia of Marine Mammals. 2a. ed. W.F. Perrin, B. Würsig y J.G.M. Thewissen (eds.): Academic Press. San Diego. 1316 p.
- Wells, R.S., H.L. Rhinehart, L.J. Hansen, J.C. Sweeney, F.I. Townsend, R. Stone, D.R. Casper, M.D. Scott, A.A. Hohn, y T.K. Rowles, 2004. Bottlenose dolphins as marine ecosystem sentinels: Developing a health monitoring system. *Ecohealth*, 1(3):246-254.
- Würsig, B. y T.A. Jefferson. 1990. Methods of photo-identification for small cetaceans. *Reports of the International Whaling Comisión*, (Edición especial) 12:43-52.

*Estudio de caso: variabilidad genética del camarón blanco *Litopenaeus setiferus**

Ma. Leticia Arena Ortiz

El conocimiento de las características genéticas de las especies es de gran importancia, sobre todo cuando se trata de una especie de interés comercial; estos estudios deben de tenerse en cuenta para su mejor manejo y explotación. En este sentido y con el objetivo de conocer la genética del camarón blanco *Litopenaeus setiferus*, se analizaron dos poblaciones utilizando herramientas genético-bioquímicas; una población procedente de la plataforma continental adyacente a la laguna de Términos en Campeche y la segunda como punto de comparación procedente de la desembocadura del río Tuxpan en Veracruz (Arena, 1995).

El estudio analizó con electroforesis (técnica que separa las proteínas por su carga eléctrica y tamaño) 14 enzimas polimórficas, es decir, que para una misma enzima existen diferencias entre individuos. A partir de los resultados fue posible estimar el grado de diferenciación genética entre ambas poblaciones (llamado Distancia de Nei), encontrando un valor de 0.038, el cual junto con el Índice de Identidad (Nei) de 0.963, muestran que ambas poblaciones son genéticamente muy cercanas. Además, fue posible constatar que se ha perdido variabilidad genética, lo cual se puede explicar si tomamos

en cuenta que este recurso, y en particular las poblaciones estudiadas, es fuertemente explotado. La pérdida de variabilidad puede ser una desventaja ante cambios bruscos del ambiente, además puede ser información útil para proponer un sitio de protección o para tomar una muestra para iniciar un cultivo.

Referencia

Arena, L., 1995. Estudio morfológico genético-bioquímico de dos poblaciones de camarón blanco *Litopenaeus setiferus* (Linnaeus) del Golfo de México. Tesis de Licenciatura. Facultad de Ciencias. UNAM. 45 p.



Hembra madura de
Litopenaeus setiferus.

Foto: Carlos Rosas, UNAM.

Estudio de caso: diversidad genética de aves

Griselda Escalona Segura

La diversidad de aves registrada hasta el momento en el estado es de 489, de las cuales 22 especies son endémicas a la región biogeográfica “Península de Yucatán” que incluye los estados de Campeche, Quintana Roo, Yucatán, el este de Tabasco y la selva Lacandona en Chiapas, así como el departamento guatemalteco de El Petén y Belice (Dinerstein *et al.*, 1995). (Paynter, 1955a y b; Salgado *et al.*, 2004; Salgado *et al.*, en revisión). De acuerdo con Navarro y Peterson (2004) existen por lo menos 11 formas morfológicamente diferenciadas de aves de esta región, pero no existen los estudios que demuestren su variabilidad genética, ya sea a nivel de especie o poblacional (Paynter, 1955a y b; Salgado *et al.*, 2004; Navarro y Peterson, 2004; Salgado *et al.*, en revisión).

A pesar de que no existen estudios de genética de aves, específicos para Campeche, se cuenta con trabajos de algunas especies que habitan en el estado. Uno de estos ejemplos es la especie *Troglodytes aedon* conocida comúnmente en México como saltaparedes, matraquitas, sonajitas, cucaracheros o salta cercas. Esta especie presenta cinco grupos o subespecies en América (*aedon*, *musculus*, *brunneicollis*, *martinicensis* y *beani*); dos de ellos se encuentran en la península de



Foto: José del Carmen Puc Cabrera, ECOSUR

Troglodytes aedon.



Foto: José Ignacio Grandos Peón.

Troglodytes aedon, forma norteña.

Yucatán: el grupo *musculus*, conocido como *xan cotí* (el que se queda en las paredes) entre los grupos de mayas de la península (Birkenstein y Tomlinson, 1981) y el grupo *aedon*. El primer grupo es de un conjunto de poblaciones residentes en las tierras bajas de toda América, que en algún tiempo se consideró como especie (*T. peninsularis*, el tipo es de Champotón, Campeche). El segundo, forma poblaciones migratorias desde el sur de Estados Unidos hasta Belice del lado de la vertiente del Golfo y hasta Oaxaca en el Pacífico Mexicano.

El esclarecimiento de las relaciones filogenéticas entre los grupos de la especie *T. aedon* aún no son claros, a pesar de que los estudios genéticos indican una clara divergencia entre los grupos de tierras altas y los de tierras bajas (Rice *et al.*, 1998). Además, las relaciones filogenéticas de las poblaciones de tierras bajas aún no se ha esclarecido y generalmente son más difíciles de explicar por la ausencia de barreras geográficas como regiones montañosas o grandes cuerpos de agua.

El desarrollo de la genética de aves en el Estado es nulo por la falta de recursos humanos e infraestructura. Así para revertir esta situación, se considera que en los planes estatales y regionales de investigación se tenga como tema prioritario el desarrollo del área genética en general y en particular en aves porque existen grandes vacíos como es el caso de estudios de variabilidad genética de las aves y su respuesta a agentes infecciosos endémicos como las leishmaniasis y los de diversidad genética de especies bajo algún estatus de protección para sustentar planes de manejo. Por ejemplo, en los últimos años se han desarrollado proyectos de manejo del pavo ocellado (*Meleagris ocellata*) con translocaciones entre unidades de manejo de vida silvestre (UMA), pero no tienen ninguna base genética. Por ello surgen dudas como: ¿cuál es la diversidad genética de los pavos?, ¿pueden las translocaciones afectar o beneficiar la diversidad genética de los pavos? Hasta ahora no se tiene información y por ello la necesidad de tener localmente investigación genética que se enfoque a especies o grupos que residen en el Estado.



Foto: José del Carmen Puc Cabrera, ECOSUR.

Cyanocorax yncas.

Referencias

- Birkenstein R., y E. Tomlinson, 1981. Native names of Mexican Birds. Crossed-referenced English / Spanish / scientific. resource publication 139. United States. Department of the interior. Fish and wildlife service. Washington, DC. 159 p.
- Dinerstein, E., D.M. Olson, D.J. Graham, A.L. Webster, S.A. Primm, M.P. Bookbinder, y G. Ledec, 1995. A conservation assessment of the terrestrial ecoregions of Latin America and the Caribbean. World Wildlife Fund and World Bank. Washington, D.C. 135 p.
- Navarro-Sigüenza, A. G., y A.T. Peterson, 2004. An alternative species taxonomy of the birds of Mexico. *Biota Neotropica*, 4(2):1-32.
- Paynter, R. A., Jr., 1955a. The ornithogeography of the Yucatán Peninsula. Peabody Museum of Natural History. *Yale University Bulletin* 9:1-347.
- Paynter, R. A., Jr., 1955b. Additions to the ornithogeography of the Yucatán Peninsula. Peabody Museum of Natural History. *Postilla*, 22:1-4.
- Salgado-Ortiz J., E.M. Figueroa-Esquivel, y J. Vargas-Soriano, 2001. Avifauna del estado de Campeche. p. 1-27. En: R. Isaac Márquez (ed.). Contribuciones al conocimiento y manejo de los recursos naturales del estado de Campeche. Universidad Autónoma de Campeche. 147 p.
- Rice, N.H., A.T. Peterson, y G. Escalona-Segura, 1999. Phylogenetic patterns in montane Troglodytes wrens. *Condor*, 101:446-451.

Diversidad genética en flora y patógenos de cultivo

Aida Martínez Hernández

INTRODUCCIÓN

En el estado de Campeche existen numerosos recursos florísticos que no han sido caracterizados a nivel genético, pero que son relevantes por factores como: su endemismo, abundancia y riqueza, potencial de aprovechamiento agrícola o forestal, uso tradicional o por estar amenazados. Sin embargo, como ocurre en otros grupos de organismos del estado, los estudios de diversidad genética en flora del estado de Campeche son mínimos, y en los pocos casos donde se reportan datos del estado el muestreo es puntual.

Entre las plantas importantes para el estado -por su amplio uso regional gastronómico o medicinal, y por su potencial como productos comerciales- hay especies que de ser seleccionadas y caracterizadas genéticamente, se favorecería su registro como variedades comerciales. Entre ellas podemos citar al achiote (*Bixa orellana*), la chaya (*Cnidoscolus*), la pitahaya (*Cereus undatus*), el chechem (*Metopium brownei*). Otras especies muy características de la flora del estado, que es deseable caracterizar genéticamente, son diferentes tipos de plantas ornamentales como palmas, bromelias, orquídeas como *Haubenaria bractescens* que se encuentra en peligro de extinción, especies forrajeras alternativas como el azuche (*Hymenachne amplexicaulis*) útil para zonas bajas inundables del trópico (Enriquez-Quiroz *et al.*, 2006), o el palo de tinte (*Haematoxylon campechianum*), cuyas poblaciones fueron fuertemente devastadas en el estado.

Un grupo de plantas para las cuales es muy importante realizar estudios de diversidad genética, con el fin de conocer su historia evolutiva y de dispersión, son aquéllos cultivos cuyo centro de origen, diversificación o domesticación es México. Así, por su importancia cultural y en la alimentación del mexicano, por ser centro de origen, por la enorme variedad de maíces criollos existentes en el país, y por su importancia comercial internacional; existe gran interés en describir la diversidad genética del maíz (*Zea mays*), en México y en el mundo

(e.g. Ross-Ibarra *et al.*, 2009; Flint-García *et al.*, 2009). La secuencia genómica de dos variedades de maíz han sido recientemente publicadas (Vielle-Calzada *et al.*, 2009; Schnable *et al.*, 2009). Sería relevante para el estado utilizar la información disponible para ampliar la caracterización genética en maíces criollos como el clavillo, el cual se distribuye solo en Campeche, Chiapas y Centroamérica, en busca de genes responsables de características agrícolas de interés.

En el caso del chile (*Capsicum*), del cual existen numerosas variedades en México, se han realizado varios estudios de diversidad en colectas nacionales de chile. A nivel de diversidad genética, algunos estudios realizados en México incluyen sólo algunas muestras de Campeche (Corona-Torres *et al.*, 2000; Baltazar-Montes, 1997). Loaiza-Figueroa (1989) reportó un estudio en el cual identificaron dos posibles centros de domesticación de diferentes especies de *Capsicum*, cultivadas y semidomesticadas; y en el cual se incluyen un par de muestras tomadas en Campeche. Más recientemente se publicó un estudio de diversidad intraespecífica en *C. annuum*, en el cual se analizó el origen geográfico y número de domesticaciones. En base a que en la península de Yucatán existe un amplio número de haplotipos, muchos de ellos únicos, se sugiere que ésta fue una importante región para la domesticación del chile, así como un centro de diversificación (Aguilar-Meléndez *et al.*, 2009). A nivel internacional se han publicado varios artículos realizados por grupos extranjeros respecto a la diversidad genética del chile y a la búsqueda e identificación de marcadores moleculares asociados a características agronómicas o de relevancia para el consumidor como su pungencia (Lee *et al.*, 2009; Maramba *et al.*, 2009; Garcés-Claver *et al.*, 2007). Este tipo de estudios son una base científica aprovechable para definir en el chile habanero; el cual ha recibido la denominación de origen para toda la península de Yucatán, incluido Campeche; los componentes genéticos asociados a algunas de sus características agronómicas, de pungencia y sabor. Otra especie comestible que ha sido estudiada en la



Foto: L.A. Williams-Beck, UAO.

región, incluyendo muestras colectadas en Campeche, es el frijol lima (*Phaseolus lunatus*) (Martínez-Castillo *et al.*, 2007, 2006 y 2004; Fofana *et al.*, 2001).

El algodón (*Gossypium hirsutum*) es otra especie comercialmente importante cuyo centro de domesticación es también la región del sureste del país, aunque actualmente su cultivo no es una actividad fuerte en la región. La mayor diferenciación de los tipos domesticados de *Gossypium* se encuentra en el sureste, y los análisis moleculares indican que el posible centro de domesticación se localiza probablemente en la península de Yucatán, y que este evento ocurrió durante el periodo precolombino (Brubaker y Wendel, 1994). *Gossypium yucatanense*, una de las especies que se encuentran en la península, es una variedad primitiva de *G. hirsutum*. Lacape *et al.* (2007) señalan que la raza yucatenense de *G. hirsutum*, junto con otras especies silvestres son, por su alta diversidad genética, de gran importancia como fuente de genes para los programas de mejoramiento genético del algodón domesticado. El rescate y la caracterización de estas variedades en la región; utilizando las nuevas tecnologías disponibles de análisis y manipulación genética; permitiría la identificación y patente de genes que pueden ser incorporados en los programas de mejoramiento del cultivo del algodón en otros países.

Los frutales tropicales nativos de la región son otro grupo de plantas de importancia agronómica que por la gran diversidad y usos en la región es deseable caracterizar genéticamente; como las Anónáceas, cuya diversidad ya ha comenzado a ser estudiada (Flores Guido, 2000); el mamey (Carrare *et al.*, 2004) y el chicozapote (*Manilkara zapota*). Una fruta tropical que fue de gran importancia en la región por la industrialización de sus productos, pero cuyas poblaciones fueron arrasadas por el amarillamiento letal, es el coco (*Cocos nucifera*); sobre el cual se han realizado algunos trabajos de diversidad genética, incluyendo algunas muestras colectadas en Campeche (Zizumbo-Villarreal, 2005 y 2006). Determinar perfil genético y patrón de di-

versidad en individuos de cocoteros sobrevivientes al amarillamiento letal, potencialmente resistentes, con el fin de identificar marcadores moleculares asociados a la resistencia, es parte de los objetivos de los programas internacionales para el mejoramiento del coco.

La caracterización genética de organismos patógenos causantes de enfermedades en los cultivos es también un área de estudio relevante que se requiere abordar en el estado, como en el caso del trabajo reportado en el hongo *Colletotrichum gloeosporioides*, fitopatógeno que suele afectar frutos en postcosecha (Casarrubias Carrillo *et al.*, 2003); o en el virus de la tristeza de los cítricos (CTV), que ha sido evaluado a nivel nacional incluyendo algunas muestras colectadas en la región (Herrera-Isidró *et al.*, 2009).

Otro grupo de plantas comercialmente relevantes en las que debe ser evaluado el estado de su diversidad genética; por el alto grado de erosión que puedan tener sus poblaciones debido a la fuerte explotación comercial a la que han sido sometidas; son las especies forestales maderables. Realizar estudios de diversidad genética en este tipo de especies, tanto en las poblaciones remanentes protegidas en las reservas como Calakmul, como en las plantaciones experimentales que se han establecido en el estado (Escárcega, Nuevo Becal), ha sido recomendado desde hace más de una década por Patiño-Valera (1997) a la FAO (<http://www.fao.org/DOCREP/006/AD111E/AD111E01.htm>). Entre los recursos forestales maderables que deben ser atendidos en el estado se debe incluir las poblaciones remanentes de caoba (*Swietenia macrophylla*) (Newton *et al.*, 1996), el cedro (*Cedrela odorata*), y la teca (*Tectona grandis*). Estos estudios complementarían con datos moleculares otros que se han realizado en el estado utilizando solo parámetros morfológicos (Wightman *et al.*, 2008). Actualmente existe un proyecto en ejecución (CONAFOR 2010-134514) financiado por el Fondo Sectorial para la Investigación, el Desarrollo y la Innovación Tecnológica Forestal CONACYT-CONAFOR que incluye un análisis de la similitud genética entre clones de cedro rojo tolerantes al barrenador

Hypsipyla grandella zeller en el Golfo y sureste de México. En dicho proyecto, conducido por el INIFAP, participan también el Colegio de Postgraduados y el IPN. Otras especies del trópico, de gran uso local y cuyas poblaciones también deben ser analizadas para documentar el efecto de la deforestación, es el Guayacán (*Guaiacum sanctum*se); para el cual recientemente se ha reportado que hay una divergencia genética significativa entre poblaciones caribeñas y mexicanas (Dertien *et al.*, 2009); y el Ciricote (*Cordia dodecandra*), para la cual se han analizado algunas muestras de Campeche dentro de un estudio realizado para determinar las características y estructura genética de las poblaciones remanentes en el estado, utilizables para reforestación (Iturbe *et al.*, 2006).

Además de la flora terrestre, cultivable y silvestre, es también importante para el estado caracterizar la flora acuática, como los manglares, algas y pastos marinos.



Foto: Nidélvia Bolívar Fernández, UAC.

REFERENCIAS

- Aguilar-Meléndez A, PL Morrell, ML Roose ML, y K. Seung-Chul, 2009. Genetic diversity and structure in semiwild and domesticated chiles (*Capsicum annuum*; Solanaceae) from Mexico. *American Journal of Botany*, 96: 1190-1202.
- Baltazar-Montes B., 1997. Diversidad genética del cultivo del chile (*Capsicum spp*) determinada por isoenzimas y RFLP's tipos: serrano, jalapeño, manzano y silvestres en su área de distribución. Colegio de Postgraduados. Instituto de Recursos Genéticos y Productividad. Bases de datos SNIB-CONABIO proyecto No. G026. México, DF. (<http://www.conabio.gob.mx/institucion/proyectos/resultados/InfG026.pdf>)
- Brubaker CL., y JF Wendel, 1994. Reevaluating the origin of domesticated cotton (*Gossypium hirsutum*; Malvaceae) using nuclear restriction fragment length polymorphisms (RFLP's). *American Journal of Botany*, 81(10):1309-1326.
- Carrara S., R. Campbell, R. Schnell, 2004. Genetic variation among cultivated selections of mamey sapote (*Pouteria spp* [Sapotaceae]). *Proceedings of the Florida State Horticultural Society*, 117:195-200.
- Casarrubias Carrillo U., MM. González Chavira, A. Cruz Hernández, E. Cárdenas Soriano, D. Nieto Angel, RG. Guevara González, 2003. Variabilidad genética de *Colletotrichum gloeosporioides* (Penz.) Penz. y Sacc. aislado de frutos de papaya (*Carica papaya* L.) mediante el uso de marcadores moleculares RAPD. *Revista Mexicana de Fitopatología*, 21(3): 338-345.
- Corona-Torres T., A. García-Velázquez, F. Castillo-González, V. Montero-Tavera, y HS. Azpiroz-Rivero, 2000. Isoenzymatic characterization of the genetic diversity of peppers collections (*Capsicum annuum* L. and *Capsicum chinense* Jacq.) *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 6(1): 5-17.

- Dertien JR, y MR. Duvall, 2009. Biogeography and divergence in *Guaiaacum sanctum* (Zygophyllaceae) Revealed in Chloroplast DNA: Implications for Conservation in the Florida Keys. *Biotropica*, 41(1): 120-127.
- Enriquez-Quiroz JF., AR. Quero-Carrillo, A. Hernandez-Garay, y E. Garcia-Moya, 2006. Azuche, *Hymenachne amplexicaulis* (Rudge) Nees, Forage Genetic Resources for Floodplains in Tropical Mexico. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(7): 1405-1412.
- Flint-Garcia SA., AL. Bodnar, y MP. Scott, 2009. Wide variability in kernel composition, seed characteristics, and zein profiles among diverse maize inbreds, landraces, and teosinte. *Theoretical and Applied Genetics*, 119(6):1129-1142.
- Fofana B., P. du Jardin, y JP. Baudoin, 2001. Genetic diversity in the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as revealed by chloroplast DNA (cpDNA) variations. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 48(5): 437-445.
- Flores-Guido JC., 2000. Diversidad de *Annona squamosa* L en huertos familiares mayas de la península de Yucatán. Universidad Autónoma de Yucatán. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Informe final SNIB-CONABIO proyecto No. M065. México DF. (<http://www.conabio.gob.mx/institucion/proyectos/resultados/InfM065.pdf>)
- Garcés-Claver A., SM. Fellman, R. Gil-Ortega, M. Jahn, y MS. Arnedo-Andrés, 2007. Identification, validation and survey of a single nucleotide polymorphism (SNP) associated with pungency in *Capsicum* spp. *Theoretical and Applied Genetics*, 115(7): 907-916.
- Herrera-Isidró L., JC. Ochoa-Sánchez, R. Rivera-Bustamante, y JP. Martínez-Soriano, 2009. Sequence diversity on four ORF of citrus tristeza virus correlates with pathogenicity. *Virology Journal*, 6:116.
- Iturbe J., JJ. Jiménez-Osornio, P. Karlovsky, H. Tiessen, y BL. Maass, 2006. Towards Improved Utilization and Conservation of the Multipurpose Tree *Cordia dodecandra* in Yucatan, Mexico. In: F. Asch, M. Becker, A. Deininger, and P. Pugalenti (eds.) Prosperity and Poverty in a Globalised World -- Challenges for agricultural research: international research on food security, Nat. Res. Mangem. and Rural Develop. Tropentag 2006 Bonn.
- Lacape JM., D. Dessauw, M. Rajab, JL. Noyer, y B. Hau, 2007. Microsatellite diversity in tetraploid *Gossypium germplasm*: assembling a highly informative genotyping set of cotton SSRs. *Molecular breeding*, 19(1): 45-58.
- Lee HR., IH. Bae, SW. Park, HJ. Kim, WK. Min, JH. Han, KT. Kim, y BD. Kim, 2009. Construction of an integrated pepper map using RFLP, SSR, CAPS, AFLP, WRKY, rRAMP, and BAC end sequences. *Molecules and Cells*, 27(1): 21-37.
- Loaiza-Figueroa F., K. Ritland, JA. Laborde Ccancino, y SD. Tanksley, 1989. Patterns of genetic variation of the genus *Capsicum* (Solanaceae) in Mexico. *Plant Systematics and Evolution*, 165: 159-188.
- Maramé F., L. Desalegne, C. Fininsa, y R. Sigvald, 2009. Genetic analysis for some plant and fruit traits, and its implication for a breeding program of hot pepper (*Capsicum annuum* var. *annuum* L.). *Hereditas*, 146(4): 131-140.
- Martínez-Castillo J., D. Zizumbo-Villarreal, P. Gepts, y P. Colunga-García Marín, 2007. Gene flow and genetic structure in the wild-weedy-domesticated complex of *Phaseolus lunatus* L. in its Mesoamerican Center of Domestication and Diversity. *Crop Science*, 47: 58-66.
- Martínez-Castillo J., D. Zizumbo-Villarreal, P. Gepts, P. Delgado-Valerio, y P. Colunga-García Marín, 2006. Structure and genetic diversity of wild populations of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Yucatan Peninsula, Mexico. *Crop Science*, 46:1071-1080.

- Martínez-Castillo J., D. Zizumbo-Villarreal, H. Perales Rivera, y P. Colunga-García Marín, 2004. Intraspecific diversity and morpho-phenological variation in *Phaseolus lunatus* L. from the Yucatan Peninsula, México. *Economic Botany*, 58(3): 354-380.
- Newton AC., JP. Cornelius, P. Baker, ACM. Gillies, M. Hernández, S. Ramnarine, JF. Mesén, y AD. Watt, 1996. Mahogany as a genetic resource. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 122(1): 61-73.
- Patiño-Valera F., 1997. Recursos genéticos de *Swietenia* y *Cedrela* en los neotrópicos: Propuestas para Acciones Coordinadas. Departamento de Montes. 58 p.
- Ross-Ibarra J., y M. Tenaillon, y B.S. Gaut, 2009. Historical divergence and gene flow in the genus *Zea*. *Genetics*, 181(4):1399-1413.
- Schnable PS., D. Ware, RS. Fulton, JC. Stein, F. Wei, S. Pasternak, C. Liang, J. Zhang, L. Fulton, TA. Graves, P. Minx, AD. Reily, L. Courtney, SS. Kruchowski, C. Tomlinson, C. Strong, K. Delehaunty, C. Fronick, B. Courtney, SM. Rock, E. Belter, F. Du, K. Kim, RM. Abbott RM. Cotton, A. Levy, P. Marchetto, K. Ochoa, SM. Jackson, B. Gillam, W. Chen, L. Yan, J. Higginbotham, M. Cardenas, J. Waligorski, E. Applebaum, L. Phelps, J. Falcone, K. Kanchi, T. Thane, A. Scimone, N. Thane, J. Henke, T. Wang, J. Ruppert, N. Shah, K. Rotter, J. Hodges, E. Ingenthron, M. Cordes, S. Kohlberg, J. Sgro, B. Delgado, K. Mead, A. Chinwalla, S. Leonard, K. Crouse, K. Collura, D. Kudrna, J. Currie, R. He, A. Angelova, S. Rajasekar, T. Mueller, R. Lomeli, G. Scara, A. Ko, K. Delaney, M. Wissotski, G. Lopez, D. Campos, M. Braidotti, E. Ashley, W. Golser, H. Kim, S. Lee, J. Lin, Z. Dujmic, W. Kim, J. Talag, A. Zuccolo, C. Fan, A. Sebastian, M. Kramer, L. Spiegel, L. Nascimento, T. Zutavern, B. Miller, C. Ambroise, S. Muller, W. Spooner, A. Narechania, L. Ren, S. Wei, S. Kumari, B. Faga, MJ Levy, L. McMahan, P. Van Buren, MW Vaughn, K. Ying, CT. Yeh, SJ. Emrich, Y. Jia, A. Kalyanaraman, AP. Hsia, WB. Barbazuk, RS. Baucom, TP. Brutnell, NC. Carpita, C. Chaparro, JM. Chia, JM. Deragon, JC. Estill, Y. Fu, JA. Jeddelloh, Y. Han, H. Lee, P. Li, DR. Lisch, S. Liu, Z. Liu, DH. Nagel, MC. McCann, P. SanMiguel, AM. Myers, D. Nettleton, J. Nguyen, BW. Penning, L. Ponnala, KL. Schneider, DC. Schwartz, A. Sharma, C. Soderlund, NM. Springer, Q. Sun, H. Wang, M. Waterman, R. Westerman, TK. Wolfgruber, L. Yang, Y. Yu, L. Zhang, S. Zhou, Q. Zhu, JL. Bennetzen, RK. Dawe, J. Jiang, N. Jiang, GG. Presting, SR. Wessler, S. Aluru, RA. Martienssen, SW. Clifton, WR. McCombie, RA. Wing, y RK. Wilson, 2009. The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. *Science* 326(5956): 1112-1115.
- Vielle-Calzada JP., O. Martínez de la Vega, G. Hernández-Guzmán, E. Ibarra-Laclette, C. Alvarez-Mejía, JC. Vega-Arreguín, B. Jiménez-Moraila, A. Fernández-Cortés, G. Corona-Armenta, L. Herrera-Estrella, y A. Herrera-Estrella, 2009. The Palomero genome suggests metal effects on domestication. *Science*, 326(5956): 1078.
- Wightman KE., SE. Ward, JP. Haggard, B. Rodríguez-Santiago, y JP. Cornelius, 2008. Performance and genetic variation of big-leaf mahogany (*Swietenia macrophylla* King) in provenance and progeny trials in the Yucatan Peninsula of Mexico. *Forest Ecology and Management*, 255(2008): 346-355.
- Zizumbo-Villarreal D., M. Ruiz-Rodríguez, H. Harries, y P. Colunga-García Marín, 2006. Population genetics, lethal yellowing disease, and relationships among Mexican and imported coconut Ecotypes. *Crop Science*, 46: 2509-2516.
- Zizumbo-Villarreal D., M. Fernández-Barrera, N. Torres-Hernández, y P. Colunga-García Marín, 2005. Morphological variation of fruit in Mexican populations of *Cocos nucifera* L. (Arecaceae) under *in situ* and *ex situ* conditions. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52: 421-434.

Estudio de caso: diversidad genética de Psittacanthus

Juan Tun Garrido

La familia Loranthaceae está formada por un grupo de plantas hemiparásitas que dependen parcialmente de otros organismos para subsistir, de los cuales obtienen agua y sales inorgánicas. Al igual que otras familias de muérdagos tropicales, parasita una gran diversidad de plantas, tanto en sistemas de cultivo como en su ambiente natural, lo que propicia una disminución en la producción agrícola y forestal; así como el decremento de poblaciones naturales de especies nativas. Debido a lo anterior, la investigación del grupo se basa generalmente en implementar métodos para su control y en el conocimiento sobre su biología de reproducción. Esta familia está pobremente representada en el estado de Campeche, en donde encontramos tres géneros: *Oryctanthus*, *Psittacanthus* y *Struthanthus*, representados por una, tres y dos especies respectivamente. A pesar de esta riqueza parcial, Campeche es el estado de la península de Yucatán con mayor número de especies reportadas para esta familia botánica.

Los estudios genéticos realizados en esta familia incluyen las tres especies del género *Psittacanthus* (Tun-Garrido, 2006) y dos regiones que han sido secuenciadas para *Struthanthus orbicularis* (Wilson y



Foto: Juan Tun, UADY.

Psittacanthus rynchanthus creciendo sobre una rama de *Spondias purpurea*.

Calvin, 2006). En *Psittacanthus*, se han secuenciado dos regiones del genoma, una que corresponde al núcleo de las células y otra región correspondiente al cloroplasto. Ambas regiones son suficientemente variables como para detectar diferencias a nivel de especie.

Los dos fragmentos mencionados han demostrado ser efectivos para ayudar a diferenciar genéticamente a las tres especies de *Psittacanthus*; sin embargo, la región nuclear muestra mayor variabilidad en las secuencias de sus nucleótidos, lo que la hace más recomendable para usar en estudios filogenéticos y biogeográficos, en conjunto con caracteres morfológicos. Dos de las tres especies de *Psittacanthus* son muy similares morfológicamente (Tun Garrido *et al.*, 2007; Kuijt, 2009) por lo que el uso de herramientas moleculares para diferenciarlas es realmente útil.

El conocimiento más profundo de las especies de este grupo de plantas, significará tener mejores opciones para su control, disminuyendo de esta forma sus efectos negativos sobre plantaciones comerciales y poblaciones de plantas silvestres.

Referencias

- Kuijt, J., 2009. Monograph of *Psittacanthus* (Loranthaceae). *Systematic Botany Monographs*, 86:1-361.
- Tun-Garrido, J., 2006. Biogeography and cladistic relationships of *Psittacanthus* (Loranthaceae). PhD Thesis. University of Reading. United Kingdom. 184 p.
- Tun Garrido J., S. Flores Guido, y J. Kantún Balam, 2007. Loranthaceae de la Península de Yucatán, taxonomía, florística y etnobotánica. *Etnoflora Yucatanense*. Fascículo 26. Universidad Autónoma de Yucatán. Mérida, Yucatán, México.
- Wilson, C.A., y C.L. Calvin, 2006. An origin of aerial branch parasitism in the mistletoe family, Loranthaceae. *American Journal Botany*, 93 (5): 787-796.

Diversidad genética microbiana

María C. Rosano Hernández

Los microorganismos son componentes esenciales de la diversidad biológica; gracias a su capacidad de adaptación y plasticidad metabólica juegan un papel esencial en el mantenimiento de la biosfera (Sly, 1995). De todos los organismos conocidos, los microorganismos son los grandes desconocidos. Aunque las razones son muchas, fundamentalmente se basan en la dificultad para definir en microbiología qué es una especie y el consecuente conflicto para cuantificar la diversidad como riqueza de especies.

Una estimación hecha en 1995 sobre el número de especies de microorganismos en el ambiente mencionaba entre 500 000 a 6 000 000, de las cuales menos del 5% habían sido descritas (Sly, 1995). Un año después, Torsvik *et al.* (1996) utilizando la realineación del ADN, encontraron en sedimentos, que el número de genomas bacterianos diferentes era inversamente proporcional al grado de perturbación: los sedimentos más afectados tenían menor número de genomas, 50-70 genomas, comparados con los 12 000 encontrados en sedimentos no perturbados.

El desarrollo de herramientas moleculares basadas en la amplificación del gen 16S ARNr por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), dio una perspectiva más realista de la diversidad microbiana *in situ*. Sin embargo, recientemente Hong *et al.* (2006) criticaron la manera de considerar el número de especies microbianas basada en predicciones. Con base en una estrategia de amplificación del gen 16S ARNr, en combinación con herramientas estadísticas y un algoritmo para datos de frecuencia empírica, esos autores estimaron que una sola muestra de sedimento marino podía contener entre 2 000 y 3 000 especies bacterianas. Pese a que el número estimado es grande, la discrepancia entre los órdenes de magnitud en el número de especies de microorganismos aún continúa.

La extensa diversidad de los microorganismos es resultado de la dispersión de mutaciones favorables que han tenido lugar desde que surgieron los primeros organismos hace más de 3 800 millones de años.

El orden en que las bases púricas y pirimídicas (guanina, citosina, timina, adenina y uracilo) se encuentran en las moléculas de ácidos nucleicos, ADN y ARN, constituye el código para la construcción de proteínas y eventualmente, para todas las propiedades biológicas de los organismos. Este orden hace diferente las propiedades de un organismo respecto de otro, y es la esencia de la diversidad genética (Solbrig, 1991).

Debido a que en todos los niveles de organización biológica está presente la diversidad genética, definir el nivel apropiado para estudiarla, no es trivial. Aunque el cambio evolutivo ocurre en cada población local, es de interés común conocer el papel de la variedad genética en los niveles más altos de la biodiversidad: especies, comunidades y ecosistemas (Solbrig, 1991). Sin embargo, como se ha mencionado, la imprecisión existente en la definición de una especie microbiana complica los marcos conceptuales de la biodiversidad.

En el nivel de comunidades, las estrategias para detectar y medir la variación genética pueden ser a nivel morfológico o molecular. La primera se basa en el estudio de correlaciones en algunas características físicas. La segunda, más exacta y sensible, se basa en el polimorfismo o el cambio en la secuencia de regiones pequeñas y específicas del ADN o de las proteínas. Una modalidad de gran sensibilidad intra-específica llamada Análisis de los Espaciadores Intergénicos Ribosomales (RISA, por sus siglas en inglés) detecta por PCR la variación en el número y tipo de bases en la región espaciadora entre dos genes y lo compara con una secuencia de referencia (García-Martínez, 1999). En el caso de bacterias se utiliza la región entre los genes 16S-23S ADNr.

El estado de Campeche posee 57 924 km² de extensión terrestre y 193 839.32 km² de territorio marino a lo largo de 523.30 km de línea de costa (INEGI, 2005). Esta gran área que se extiende verticalmente desde el subsuelo hasta el espacio aéreo incluye al mar territorial y la Zona Económica Exclusiva (ZEE) (DOF, 2006). En la región marina

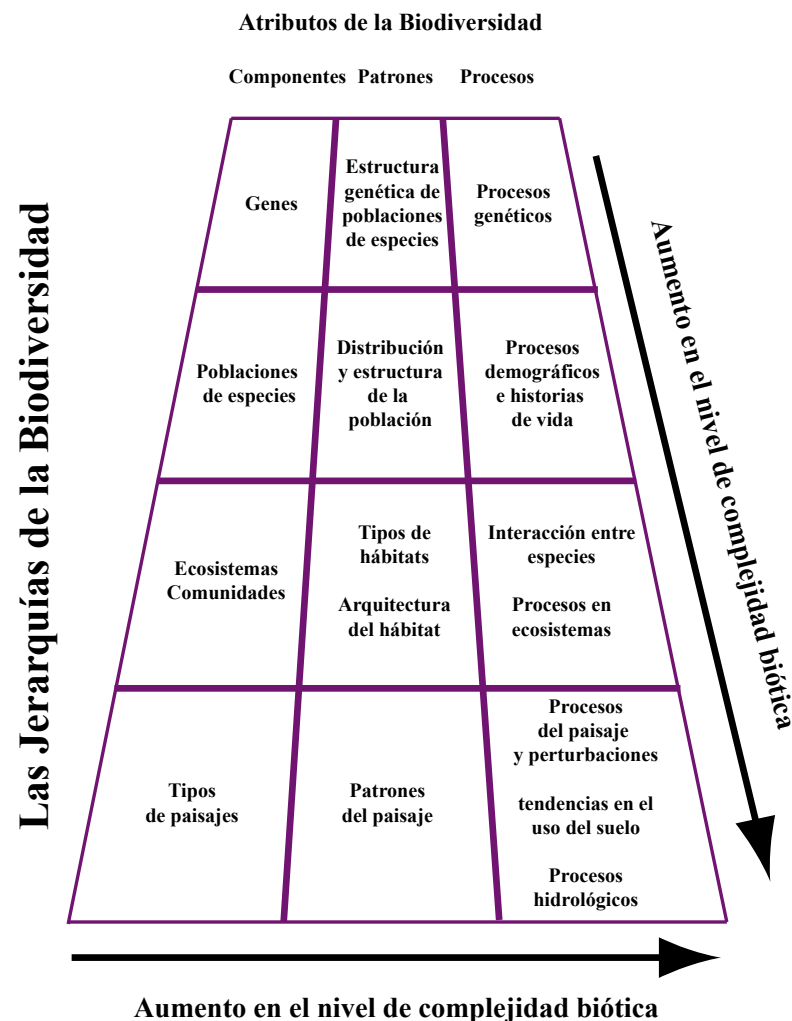


Figura 1. Atributos, escalas y complejidad de la biodiversidad. Modificada de: Department for Environment and Heritage, Government of South Australia 2007(http://www.environment.sa.gov.au/education/pages/modules/biodiversity/bio_02.html.)

de Campeche se realiza la pesca y desde hace casi 30 años, la mayor actividad petrolera industrial del país (García-Cuéllar, 2004). Dentro de la porción continental existen tres áreas amplias de resguardo ecológico: el área natural de protección de flora y fauna laguna de Términos y dos reservas de la biosfera, la de Los Petenes y la de Calakmul. Estas áreas, con un total de 18 106 km², representan poco más de un tercio de la superficie del estado y se caracterizan por contener, en una escala de pocos kilómetros, una vastísima variedad de ambientes, cada uno con numerosos ecosistemas de muy alta diversidad (riqueza de especies) y algunos endemismos o especies únicas. La heterogeneidad y la variación de las condiciones físicas y químicas denominadas gradientes, en escalas cortas de tiempo y espacio, hace posible el desarrollo de una gran variedad de organismos en estos ecosistemas. Los estuarios, abundantes en el sur del estado, son uno de los ejemplos (Troussellier *et al.*, 2002). Los estudios de diversidad genética de los microorganismos presentes en los múltiples hábitats existentes en el estado, permitirán generar información respecto al tipo de microorganismos que más abundan en dichos hábitats, identificar microorganismos no previamente reportados e identificar aquéllos con características bioquímicas y genéticas de interés para el uso humano.

REFERENCIAS

- Diario Oficial de la Federación, 1986. Ley Federal del Mar. Texto vigente. Nueva Ley publicada el 8 de enero de 1986. Fe de erratas DOF 0901-1986.
- García-Cuéllar, J.A., F. Arreguín-Sánchez, S. Hernández V., y D. B. Lluch-Cota, 2004. Impacto ecológico de la industria petrolera en la Sonda de Campeche, México, tras tres décadas de actividad: una revisión. *Interciencia*, 29: 311-319.
- García-Martínez, J., S.G. Acinas, A.I. Antón, y F. Rodríguez-Valera, 1999. Use of the 16S-23S ribosomal genes spacer region in studies of prokaryotic diversity. *Journal of Micro. Methods*, 36: 55-64.
- Hong, S.H., J. Bunge, S.O. Jeon, y S.S. Epstein, 2006. Predicting microbial species richness. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(1): 117-122.
- INEGI, 2005. Marco Geoestadístico Municipal, II Censo de Población y Vivienda 2005 (MGM-II Censo 2005) Versión 1.0. <http://cuentame.inegi.gob.mx/monografias/informacion/camp/territorio/default.aspx?tema=me&e=04>.
- Solbrig, O.T., 1991. From genes to ecosystems: A research agenda for biodiversity. Report of a IUBS-SCOPE-UNESCO workshop, Harvard Forest, Petersham, Ma. USA June 27-July 1, 1991. Cambridge, Mass., IUBS, 123 p.
- Sly, L. I., 1995. Microorganisms: An essential component of biological diversity. *World Journal of Microbiology*, 11(5): I-IV.
- Torsvik, V., R. Sorheim, y J. Goksøyr, 1996. Total bacterial diversity in soil and sediment communities-a review. *Journal of Industrial Microbiology*, 17: 170-178.
- Troussellier, M., H. Schafer, N. Batailler, L. Bernard, C. Courties, P. Lebaron, G. Muyzer, P. Servaisand, y J. Vives-Rego, 2002. Bacterial activity and genetic richness along an estuarine gradient (Rhône River plume, France). *Aquatic Microbiological Ecology*, 28: 13-24.

Estudio de caso: algunos estudios de diversidad genética de la microbiota del estado de Campeche

María C. Rosano Hernández

En dos tercios del territorio continental del estado de Campeche existen ríos, lagunas, pantanos, cenotes, suelos agrícolas, remanentes de selvas altas perennifolias y comunidades humanas mayas, quienes aprovechan dichos sistemas y usan a los microorganismos como parte de su sustento en alimentos y bebidas tradicionales (Rosano-Hernández, 1999). No obstante, la información sobre la diversidad genética microbiana en el territorio marino y terrestre de Campeche es prácticamente mínima y lo que hay abarca solamente a las bacterias. Datos sobre la genética en microorganismos de ambientes extremos, denominados arqueobacterias (procariotas), así como de eucariotes como hongos, protozoarios, cianobacterias y sus asociaciones simbióticas como los líquenes y las micorrizas son asimismo inexistentes.

Los trabajos sobre la diversidad genética bacteriana se realizaron en el sedimento de dos localidades costeras de Campeche: (1) una chapopotera o sitio de emanación natural de petróleo y gas en el subsuelo marino, a aproximadamente 42 m de profundidad (Rosano-Hernández *et al.*, 2002; 2005), y (2) la playa desde la Isla del Carmen al poblado de Sabancuy afectada por perturbaciones meteorológicas frecuentes

en la región. Ambos sitios se habían identificado previamente como susceptibles de afectación por hidrocarburos del petróleo (PEMEX, 1987; Rosano-Hernández y Muriel-García, 1999). La diversidad de las comunidades se estimó por métodos microbiológicos y moleculares. En éstos últimos se hizo la extracción de ADN metagenómico, la reacción en cadena de la polimerasa utilizando los espaciadores intergénicos ADN_r 16S-23S (PCR-RISA), y se combinaron con técnicas de clonación y secuenciación.

El análisis molecular de los sedimentos de la playa reveló diferentes comunidades en cada sitio muestreado, y un patrón de partición en las provincias geológicas Terrígena y Carbonatada de la Sonda de Campeche (Yañez-Arancibia y Sánchez-Gil, 1988). De éstas provincias, la Terrígena tuvo más diversidad ecológica ($H=3.41$; $D=0.92$) y de genotipos que la Carbonatada ($H=2.31$; $D=0.80$) (Rosano Hernández *et al.*, 2007). Los genotipos recuperados de la porción Terrígena se afi-



Área de chapopoterías marinas, sur del Golfo de México.



Foto: María C. Rosano, Instituto Mexicano del Petróleo.

Playa con petróleo, Ciudad del Carmen, Campeche.

liaron a miembros no cultivados de *Gemmatimonas*, *Acidobacterium*, *Rubrobacterales*, *Fibrobacteres*/*Acidobacteria*, *Actinobacterium*, *Desulfobacteraceae* y *Pseudoalteromonas holoplanktis*, mientras que de la Carbonatada se afiliaron a la clase Gamma Proteobacteria. Los géneros taxonómicos relevantes fueron *Marinobacter*, *Pseudomonas* y *Vibrio*. Aunque el 50% del componente bacteriano de los sedimentos de la playa fueron bacterias aún sin clasificar, se sugirió que el grupo de las Gamma Proteobacterias podría estar vinculado a los ciclos biogeoquímicos realizando funciones importantes en el mantenimiento costero (Rosano-Hernández, 2009).

En la chapopotera, los sedimentos provinieron de dos columnas recolectadas de 2.1 m hasta a 19.8 m de profundidad en el subsuelo. Los sedimentos del sitio de emanación mostraron tener buena generación de petróleo y gas, con gran concentración de hidrocarburos totales del petróleo (HTP), 194 ± 96 (g.kg⁻¹); aquí, la diversidad Shannon (H) y Simpson (D) de genotipos fue ligeramente mayor (H=2.52; D=0.82), comparada con el sitio control, sin emanación natural. En este último los sedimentos fueron pobres en generación de hidrocarburos (HTP = 0.2 ± 0.04 g.kg⁻¹), y la diversidad de genotipos fue levemente menor (H=2.30; D=0.81). Las nueve secuencias de ADN* recuperadas de los sedimentos se afiliaron a los géneros *Marinobacter*, *Idiomarina*, *Marinobacterium*, *Frateriella*, más una bacteria no identificada. Se concluyó que las bacterias de los sitios de emanación marina podrían ser indicadoras de hidrocarburos en el sur del Golfo de México (Rosano Hernández *et al.*, 2009a).

Un género común tanto en la playa como en la chapopotera fue *Marinobacter*, quien junto con *Alcanivorax*, *Cycloclasticus*, *Oleispira* y *Thalassolituus*, fue recientemente considerado como un género altamente especializado en la degradación obligada de hidrocarburos del petróleo (Yakimov *et al.*, 2007). A reserva de que los estudios sobre la ecología de estos microorganismos degradadores especializados continúen en la Sonda de Campeche, se ha sugerido que *Marinobacter* podría estar realizando funciones asociadas con la transformación de los hidrocarburos del petróleo en el sistema costero del estado (Rosano-Hernández *et al.*, 2009b).

* NCBI, EF143342 a EF143350 de la chapopotera; EF191388 a EF191401 de la playa .

Agradecimientos: A Petróleos Mexicanos a través del Lic. Eduardo Marín Conde, Responsable del Área de Información, por la autorización del uso y reproducción de la figura de la chapopotera marina, de propiedad institucional. Al M. en C. José Aes Laines, por su asistencia en la selección del material fotográfico.

Referencias

- PEMEX, 1987. Impacto ambiental de las actividades petroleras en la Sonda de Campeche. Petróleos Mexicanos. Coordinación Ejecutiva de Servicios Generales y Seguridad Industrial. Gerencia de Coordinación y Control de Protección Ambiental, México, pp. 35-38.
- Rosano-Hernandez, M. C., 1999. Microbial diversity of traditional drinks. Proceedings of the ASM Conference on Microbial Biodiversity, Chicago, IL.
- Rosano-Hernández, M.C., y M. Muriel-García, 1999. Bacterial role and diversity in coastal areas prone to hydrocarbon pollution. Proceedings of the ASM Conference on Microbial Biodiversity, Chicago, IL, August 5-8.
- Rosano-Hernández M. C., L. Fernández-Linares, S. Le Borgne, R. Ruiz-Medrano, y B. Xoconostle-Cázares, 2002. Análisis de la diversidad bacteriana presente en chapopoterías del Golfo de México. Memorias del XXIV Congreso de la Sociedad Mexicana de Bioquímica, Puerto Vallarta, Jalisco, México.
- Rosano-Hernández M.C., S. LeBorgne, B. Xoconostle-Cázares, y L. Fernández-Linares, 2005. Prospección microbiológica y molecular en una chapopotería del Golfo de México. Memorias del 1er. Congreso de Nuevas Tecnologías en Medio Ambiente. Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey (ITESM), campus Estado de México.
- Rosano-Hernández M. C., H. Ramírez-Saad, L. C. Fernández-Linares, y B. Xoconostle-Cázares, 2007. Molecular analysis of bacterial communities in a coastal beach of the Campeche bank, Gulf of Mexico. Primer Encuentro de Vinculación: Biotecnología para el sureste de México. Campeche.
- Rosano-Hernández, M.C., 2009. La diversidad genética bacteriana de suelos y sedimentos del sureste de México afectados con hidrocarburos del petróleo. Tesis, CINVESTAV-IPN, México. 72 p.
- Rosano-Hernández M. C., L.L.C. Fernández, y B. Xoconostle, 2009a. Bacterial diversity of marine seeps in the southeastern Gulf of Mexico. *Pakistan J. Biol. Sci.*, 12(9): 683-689.
- Rosano-Hernández, M.C., H.C. Ramírez-Saad, y L.C. Fernández-Linares, 2009b. *Marinobacter* en sistemas costeros del sur del Golfo de México: implicaciones ecológicas en la transformación bacteriana de los hidrocarburos del petróleo. Simp. Biodiversidad –Enfoques en Biología Molecular. Mérida, Yucatán, México.
- Yañez-Arancibia, A. y P. Sánchez-Gil, 1988. Caracterización ambiental de la Sonda de Campeche frente a la Laguna de Términos, p. 41-50. En: A. Yañez-Arancibia, y Day, Jr. J.W. (Eds.). Ecología de los Ecosistemas Costeros en el Sur del Golfo de México: La región de la Laguna de Términos. Instituto de Ciencias del Mar y Limnología UNAM, Coastal Ecological Institute LSU. Editorial Universitaria, México, D.F.

Estudio de caso: exploración y valoración biotecnológica de recursos microbianos marinos de Campeche

*Benjamín Otto Ortega Morales
y Susana del C. de la Rosa García*

Como país megadiverso, México alberga una gran diversidad microbiana; sin embargo, ha sido descrita pobremente, por lo que poco se sabe del valor biotecnológico de este recurso.

La mayor parte de los estudios realizados mundialmente en el campo de la bioprospección biotecnológica de microorganismos de origen marino se ha centrado en investigaciones de hábitats considerados tradicionalmente extremos, tales como las zonas polares (Hollibaugh *et al.*, 2002), zonas oligotróficas (Jannasch *et al.*, 1996) y fosas hidrotermales (Deming, 1998). En Campeche se han realizado investigaciones en otros hábitats marinos extremos, usualmente no reconocidos como tal, que incluyen las zonas intermareales rocosas, mismas que son consideradas ambientes extremos no favorables para la vida debido al estrés de desecación y la exposición directa a rayos solares (UV), el estrés hidrodinámico y la escasez de nutrientes (oligotrofia) a los que están expuestas (Menge y Branch, 2001). En investigaciones previas se demostró que las rocas que se encuentran en las zona intermareal de Xpicop (Seybaplaya) Campeche están colonizadas de manera masiva por comunidades microbianas sésiles (biofilms), constituidas por



Foto: Carlos Galindo Leal, CONABIO.

poblaciones mixtas de diferentes tipos de bacterias incluyendo Cianobacterias, Actinobacterias, Bacteroidetes y Proteobacterias, cuyas secuencias más cercanas pertenecen a bacterias típicas de ambiente marinos costeros (Narváez-Zapata *et al.*, 2005) (tabla 1).

De estos mismos biofilms se aislaron por medio de diferentes estrategias, cultivos bacterianos que fueron conservados por criopreservación (-80°C) y que constituyen parte de la Colección de Cultivos Microbianos de Origen Ambiental. Dentro del marco de los proyectos de investigación “Ecology, Diversity and Biotechnological Potential of Biofilm Microbial Communities from Marine Environments in Campeche, Mexico” CONACYT 2000 J-33085-B y “Tropical biofilm bacteria as source of novel antifoulants” International Foundation for

Science (Suecia) IFS F/3617-1, se estableció como objetivo principal el caracterizar y conservar los elementos microbianos representativos de estos ambientes, así como evaluar su potencial biotecnológico, particularmente de bacterias heterótrofas aerobias, como cepas productoras de exopolisacáridos y sustancias antimicrobianas.

Estos estudios revelaron que algunas de las bacterias aisladas e identificadas por medio de métodos moleculares producían a través de procesos fermentativos a escala de laboratorio varias de estas sustancias (metabolitos), mismos que fueron recuperados y caracterizados a nivel químico con el fin de establecer su naturaleza y las propiedades de interés.

En el campo de los metabolitos con carácter antibiótico se identificaron tres cepas muy parecidas a *Bacillus mojavensis*, las cuales habían sido previamente aisladas en zonas desérticas de los EUA. Dichas bacterias producen unas sustancias conocidas colectivamente como lipopéptidos, los cuales debido a su naturaleza antimicrobiana mostraron capacidad de inhibir a nivel comparable de una cepa bacteriana comercial del Departamento de Agricultura de los EUA, al hongo fitopatógeno *Colletotrichum gloesporioides*, agente causal de la antracnosis, así como a otros hongos de importancia agrícola (Ortega-Morales *et al.*, 2008 sometido). Estudios complementarios no publicados sugieren que los compuestos producidos por estas bacterias podrían también controlar algunas enfermedades infecciosas humanas, como la ocasionada por *Staphylococcus aureus* resistente a la metilicina (MRSA por su siglas en inglés).

Por otra parte, además de su interés en materia de salud, los lipopéptidos podrían también ver algún día la luz como ingrediente activo en recubrimientos contra el bioencrustamiento o biofouling (Amstrong *et al.*, 2000; Ortega-Morales *et al.*, 2008). Dicho fenómeno biológico tiene consecuencias en términos de corrosión de materiales artificiales constituyentes de infraestructura marina como barcos y platafor-

Tabla 1. Secuencias del gen ARNr 16S de biofilms microbianos epilíticos asociados a la zona intermareal de Xpicop, Campeche.

Número de acceso	Phylum	Secuencia más cercana	Identidad (%)
AJ867558	Bacteroidetes.	<i>Flexibacter tractuosus</i> (AB078076).	88.5
AJ867564	Cyanobacteria.	<i>Chroococcidiopsis</i> sp. (AJ344556).	96.8
AJ867568	Cyanobacteria.	<i>Chroococcidiopsis</i> sp. (AJ344556).	96.5
AJ867569	Cyanobacteria.	<i>Xenococcus</i> sp. (AB074510).	95.1
AJ867570	α Proteobacteria.	<i>Rhodovulum strictum</i> (D16419).	84.3
AJ867571	Bacteroidetes.	<i>Flexibacter tractuosus</i> (AB078073).	87.7
AJ867572	Bacteroidetes.	<i>Flexibacter tractuosus</i> (AB078073).	88.3
AJ867573	Cyanobacteria.	<i>Chroococcidiopsis</i> sp. (AJ344557).	94.9
AJ867574	Cyanobacteria.	<i>Chroococcidiopsis</i> sp. (AJ344557).	95.1
AJ867559	α Proteobacteria.	<i>Porphyrobacter sanguineus</i> (AB021493).	94.1
AJ867560	Cyanobacteria.	<i>Chroococcidiopsis</i> sp. (AJ344557).	95.1
AJ867561	Cyanobacteria.	<i>Myxosarcina</i> sp. (AJ344561).	95.4
AJ867562	Bacteroidetes.	<i>Flexibacter tractuosus</i> (AB078076).	87.7
AJ867563	Bacteroidetes.	<i>Lewinella persicus</i> (AF039295).	88.9
AJ867565	Actinobacteria.	<i>Rubrobacter radiotolerans</i> (U65647).	94.3
AJ867566	Actinobacteria.	<i>Frankia</i> sp. (AJ408874).	98.0
AJ867567	γ Proteobacteria.	<i>Pseudomonas</i> sp. (AB013827).	93.2
AJ867575	Cyanobacteria.	<i>Xenococcus</i> sp. (AB074510).	98.0
AJ867576	Cyanobacteria.	<i>Xenococcus</i> sp. (AB074510).	87.2
AJ867577	Bacteroidetes.	<i>Lewinella persicus</i> (AF039295).	89.1
AJ867578	α Proteobacteria.	<i>Mesorhizobium</i> sp. (AY258089).	95.4
AJ867579	α Proteobacteria.	<i>Mesorhizobium loti</i> (AP003001).	94.9

mas petroleras (Guezennec *et al.*, 1998; Acuña *et al.*, 2000). En este sentido, se ha estimado que el bioencrustamiento produce costos del orden un billón de dólares a la armada de los EUA, los cuales están generalmente asociados a un incremento significativo en el consumo de combustibles, en la limpieza y eventual reparación de los cascos de los buques (Callow y Callow, 2002). No existen estimaciones en el contexto nacional, pero el impacto del bioencrustamiento y la bio-corrosión puede alcanzar cifras considerables tomando en cuenta que el régimen de mantenimiento de infraestructura marina en México es menor que el de los países europeos.

Además de los lipopéptidos bioactivos, otro estudio realizado por nuestro grupo (Ortega-Morales *et al.*, 2007) permitió determinar el valor de ciertos biopolímeros producidos por bacterias de las costas de Campeche, que han mostrado ser más eficientes que ciertos surfactantes artificiales en la emulsificación de hidrocarburos. Un surfactante es una sustancia química que altera las propiedades de interfaciales entre líquidos de diferente naturaleza química, como el aceite y el agua. La potencial aplicación de este producto es la capacidad de promover la biodegradación natural del petróleo en los mares, en caso de un eventual derrame de hidrocarburos. En el sector farmacéutico, otro exopolisacárido muestra una estructura química similar a la de un biopolímero aniónico que promueve la regeneración ósea en un modelo murino indicando su potencial uso biomédico para permitir la “autorreparación” de huesos dañados (Ortega-Morales *et al.*, 2007).

En conclusión, la biotecnología marina es uno de los campos de las ciencias biológicas que ha crecido más en los últimos años y cuyos impactos pueden en el corto, mediano y largo término contribuir al aprovechamiento racional de los recursos marinos existentes. Es importante hacer notar que la biotecnología marina depende de manera directa de esta diversidad biológica, la cual es particularmente abundante en los países en vías de desarrollo, por lo que su conservación

es fundamental. Por ello, es importante emprender esfuerzos de investigación que permitan determinar la diversidad microbiana de ambientes marinos, conservar nuevos elementos de riqueza microbiana y evaluar el potencial biotecnológico que estos recursos representan para la producción de nuevos bioproductos y bioprocesos (Jensen y Fenical, 2000; National Research Council, 2000). En el caso particular del estado de Campeche, la valoración biotecnológica de los recursos microbianos podría aportar soluciones problemáticas particulares a diferentes términos. En el corto y mediano plazos (3 a 5 años), podrían desarrollarse estrategias de conservación postcosecha de frutas como mango y papaya así como biosurfactantes para uso en diversos sectores industriales. En el largo término (más de 10 años) algunas biomoléculas podrían permitir el desarrollo de nuevos antibióticos o agentes terapéuticos.

Referencias

- Acuña, N., B.O. Ortega-Morales, y A. Valadéz, 2006. Biofilm colonization dynamics and its influence on the corrosion resistance of austenitic UNS S31603 stainless steel exposed to Gulf of Mexico seawater. *Marine Biotechnology*, 1:62-70.
- Armstrong, E., K.G. Boyd, y J.G. Burgess, 2000. Prevention of marine biofouling using natural compounds from marine organisms. *Biotechnology Annual Review*, 6:221-241.
- Callow, M.E., y J.A. Callow, 2002. Marine biofouling: a sticky problem. *The Biologist*, 49: 10-14.
- Deming, J.W., 1998. Deep ocean environmental biotechnology. *Current Opinion in Biotechnology*, 9: 283-287.

- Guezennec, J., O. Ortega-Morales, G. Raguenes, y G. Geesey, 1998. Bacterial colonization of artificial substrate in the vicinity of deep-sea hydrothermal vents. *FEMS Microbiology Ecology*, 26: 89-99.
- Hollibaugh, J. T., N. Bano, y H. W., Ducklow, 2002. Widespread Distribution in polar oceans of a 16s rRNA gene sequence with affinity to Nitrospira-like ammonia-oxidizing Bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 68(3): 1478-1484.
- Jannasch, H. W., C.O. Wirsen, K. W. Doherty, 1996. A pressurized chemostat for the study of marine barophilic and oligotrophic bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 62(5): 1593-1596.
- Jensen, P.R., y W. Fenical, 2000. Marine microorganisms and drugs discovery: current status and future potential. p. 6-29. In: N. Fusetani (ed.) *Drugs from the sea*. Karger, Switzerland.
- Menge, B.A., y G.M. Branch, 2001. Rocky intertidal communities. p. 221-251. In: M.D. Bertness, S.D. Gaines, and M. Hay, M. *Marine Community Ecology* ed. Sunderland.
- National Research Council, 2000. *Opportunities for Environmental Applications of Marine Biotechnology*. Nacional Academy Press. Washington, DC.
- Narváez-Zapata, J.A., C.C. Tebbe, y B.O. Ortega-Morales, 2005. Molecular diversity and biomass of epilithic biofilms from intertidal rocky shores in the Gulf of Mexico. *Biofilms*, 2:93-103.
- Ortega-Morales, B.O., J.L. Santiago-García, M.J. Chan-Bacab, X. Moppert, E. Miranda-Tello, M.L. Fardeau, J.C. Carrero, P. Bartolo-Pérez, A. Valadéz-González, y J. Guezennec, 2007. Characterization of extracellular polymers synthesized by tropical intertidal biofilm bacteria. *Journal of Applied Microbiology*, 102: 254-264.
- Ortega-Morales, B.O., M.J. Chan-Bacab, E. Miranda-Tello, M.L. Fardeau, J.C. Carrero, y T. Stein, 2008. Antifouling activity of sessile bacilli derived from marine surfaces. *Journal of Industrial Microbiology and Biotechnology*, 35: 9-15.



Estudio de caso: estudios relacionados con la determinación de biodiversidad microbiana edáfica en Campeche

Joel Lara Reyna

En Campeche, los suelos alcalinos han determinado la selección de sus plantas endémicas tolerantes a dichas condiciones, así como los cultivos agrícolas que han sido seleccionados para estas condiciones de suelo. Estas especies vegetales seguramente albergan especies microbianas muy particulares y adaptadas al suelo calcáreo capaces de poblar su rizósfera (zona de suelo bajo la influencia de los productos que se secretan a través de la raíz). Las bacterias son por mucho el tipo más abundante de microorganismos del suelo, esto debido a que pueden crecer muy rápidamente y tienen la capacidad de utilizar un amplio número de sustancias como fuentes de energía y nutrientes (Chao *et al.*, 1986). Mientras que muchas bacterias encontradas en el suelo están adheridas a la superficie de las partículas o son encontradas como agregados, un gran número de bacterias interactúan específicamente con la raíz; de hecho, la densidad de bacterias en la rizósfera es generalmente mucho más grande que la del resto del suelo (Lynch, 1991). Lo anterior es reflejo de los altos niveles de nutrientes encontrados en la rizósfera, que son aprovechados para soportar el crecimiento bacteriano (Glick, 1995; Glick *et al.*, 1995).



Variabilidad morfológica en un aislamiento de *Beauveria bassiana*. Los conidiofóros (cf) son atípicamente alargados y generando pocos conidios (c). h, hifa; Hf, hifa conidiógena.

No obstante, la importancia tan amplia que representan los microorganismos para los diferentes procesos biológicos en la naturaleza, en una extensa revisión en las principales bases de datos públicas y principales bibliotecas se encontró que la información relacionada con la caracterización o identificación de microorganismos en los suelos de Campeche es prácticamente nula. El primer trabajo documentado sobre caracterización de la microbiota del suelo en el estado tuvo un fin principalmente de aplicación médica y data de 1979, en el que González-Gómez y colaboradores realizaron un muestreo con el objetivo de obtener aislamientos e identificar la presencia de actinomicetos patógenos de Campeche. Este trabajo es el más antiguo que se encontró en la literatura. En la sección de diversidad genética en poblaciones humanas se comenta acerca de los pocos estudios de diversidad genética de otros microorganismos patógenos realizados en el estado.

Con respecto a la microbiota edáfica en suelos de Campeche, de 1979 a 2009 no hay registro de ningún trabajo relacionado, por lo que ésta se encuentra prácticamente sin descripción. Adicionalmente, es importante considerar que, por la dificultad de cultivarlos en el laboratorio, se ha estimado que sólo un 1% de los microorganismos presentes en un ambiente son cultivables, por lo que un 99% de ellos solo se han descrito en las colectas ambientales. Sin embargo, las técnicas “moleculares” permiten profundizar más en la descripción de la biodiversidad, al identificar microorganismos trabajando directamente con ADN del ambiente, sin requerir el cultivo previo.

Actualmente, el Colegio de Postgraduados Campus Campeche realiza trabajos iniciales sobre la caracterización de aislados de suelo de hongos entomopatógenos y bacterias antagonistas de fitopatógenos. En uno de ellos se caracterizaron fisiológicamente y se identificaron a nivel molecular, 20 aislamientos (12 de ellos de suelo) de hongos entomopatógenos de los géneros *Beauveria*, *Metarhizium* y *Paecilomyces*. Además, se reporta por primera vez para México un registro de la especie *Cordyceps cardinalis* (Pech-Chuc, 2008), espe-



Foto: Joel Lara Reyna, COLPOS.

Aislamiento de *Beauveria bassiana* (Vuill.) recuperada de suelo en la comunidad agrícola Kesté (Champotón, Campeche), patógena hacia el ácaro *Varroa destructor*, parásito de la abeja *Apis mellifera*.

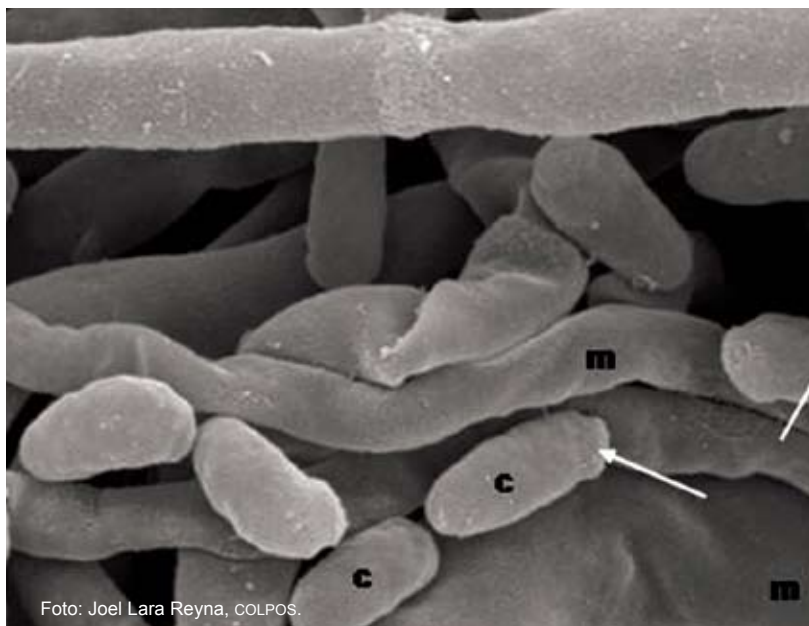


Foto: Joel Lara Reyna, COLPOS.

Micrografía en microscopio electrónico de barrido de aislamiento fúngico con propiedades como entomopatógeno, obtenido de suelos de selva alta de Campeche. m: micelio, c: conidios.

cie recientemente propuesta (Sung y Spatafora, 2004) y que confirma la presencia de nuevas especies. Macedo-Castillo *et al.* (2009), obtuvieron aislamientos bacterianos de plantas de la rizósfera de caña de azúcar, papaya y arroz, seleccionando aquellas que resultaron con propiedades antagonistas al hongo fitopatógeno *Colletotrichum gloeosporioides*. Xuluc-Tolosa *et al.* (2003), publican sobre el proceso de descomposición de hojas de tres especies de árboles en un bosque tropical de Campeche. Aunque el trabajo no fue encaminado hacia la identificación de los microorganismos involucrados en el proceso de descomposición, indirectamente señala la importancia de la caracterización de los descomponedores primarios presentes en suelo.

A pesar de los esfuerzos mencionados, éstos son totalmente insuficientes para iniciar la caracterización de sistemas ecológicos que son muy interesantes desde el punto de vista biológico. Al caracterizar genéticamente poblaciones de individuos presentes en el suelo; por ejemplo, de selva tropical, es posible identificar gran cantidad de genes microbianos con múltiples aplicaciones relacionados con catabolismo y anabolismo; tanto de metabolismo primario como de novedosos metabolismos secundarios; de rutas biosintéticas de sustancias generadas para interactuar con el medio ambiente (*e.g.* toxinas, antibióticos, señalizaciones e interacciones químicas, adherencias, determinantes genéticos de patogénesis), etc.; caracterizando las capacidades metabólicas de la comunidad presente y permitiéndonos describir la riqueza genética de la muestra.

Con sus suelos alcalinos y poco profundos, asociados a clima y vegetación de selva tropical y la baja perturbación en algunas zonas como son las reservas (Los Petenes y Calakmul); hacen de Campeche un espacio que ofrece diferentes y muy particulares hábitats, dentro de los cuáles es altamente deseable caracterizar la microbiota presente en sus diversos microambientes, identificar sus capacidades metabólicas y analizar sus posibles asociaciones con la diversidad de la flora y los tipos de suelo presentes en este ecosistema tropical.

Referencias

- Chao, L.W., B.E. Nelson, G.E. Harman, y H.C. Hach, 1986. Colonization of the rizosphere by biological control agents. *Phytopathology*, 76(1): 60-65.
- Lynch, J.M., 1991. Introduction: some consequences of microbial rizosphere competence for plant and soil. p. 1-10. In: J.M. Lynch (ed). *The Rizosphere*. John Wiley & Sons, New York.
- Glick, B.R., 1995. The enhancement of plant growth by free-living bacteria. *Canadian Journal of Microbiology*, 41: 109-117.
- Glick, R.B., M.D. Karatovik, y P.C. Newell, 1995. A novel Procedure for rapid isolation of plant growth promoting pseudomonads. *Canadian Journal of Microbiology*, 44:533-536
- González-Gómez, M., L. García-Mora, y B. Agüero Licea, 1979. Aislamiento de actinomicetos aerobios patógenos en suelos de Campeche, México. *Revista Latinoamericana de Microbiología*, 21(2): 99.
- Macedo-Castillo A, J. Lara-Reyna, y A. Martínez-Hernández, 2009. Evaluación de rizobacterias antagonistas en contra de *Colletotrichum gloeosporioides* Penz aisladas de suelos agrícolas de Campeche, México. Memorias de la 55 Reunión Anual 2009 del Programa Cooperativo Centroamericano para el Mejoramiento de Cultivos y Animales. Campeche, México, (<http://55pccmcamex.org.mx/memorias/>)
- Pech Chuc, C. M., 2008. Identificación y caracterización de aislamientos de hongos entomopatógenos nativos del estado de Campeche y primer registro de *Cordyceps cardinales* para México. Tesis Licenciatura. Instituto Tecnológico de Estudios Superiores de Calkini. 2008. 89 p
- Pool-Novelo, L., F.S. May-Balam, M. Ávila-Ramos, J.J. Jimenez-Osornio, M.R. Parra-Vázquez, y F. Bautista-Zuñiga, 2002. Cultivos de cobertura y abonos orgánicos en calakmul, Campeche. Reporte Técnico, ECOSUR. 32 p.
- Sung, G.H., y J.W. Sapatafora, 2004. *Cordyceps cardinalis* sp. nov., a new species of *Cordyceps* with an east Asian-eastern North American distribution. *Mycologia*, 96(3): 658–666.
- Xuluc-Tolosa, F.J., H. F. M. Vester, N. Ramirez-Marcial, J. Castellanos-Albores, y D. Lawrence, 2003. Leaf litter decomposition of tree species in three successional phases of tropical dry secondary forest in Campeche, Mexico. *Forest Ecology and Management*, 174: 401-412.

Diversidad genética en poblaciones humanas y en organismos que afectan la salud humana

Aída Martínez Hernández

Muestras colectadas en el estado de Campeche han sido incluidas dentro de algunos estudios de diversidad genética realizados en poblaciones humanas debido a que éste se encuentra poblado en gran proporción por comunidades de ascendencia Maya. Dichos estudios analizan divergencias o similitudes entre poblaciones mayas de diversas regiones, o comparan las características genéticas de los mayas con otros grupos humanos.

Por ejemplo, Herrera *et al.* (2007) examinaron la variabilidad entre cuatro diferentes grupos de mayas realizando comparaciones intra e interpoblacionales; concluyendo que no son genéticamente homogéneos. En un trabajo previo, Antunez De Mayolo *et al.* (1999) analizaron las relaciones genéticas dentro de la población maya de Campeche, correlacionándolas con sus migraciones por Mesoamérica. Para ello utilizaron un marcador molecular polimórfico y encontraron que el polimorfismo se detecta en frecuencias comparables a las halladas en poblaciones caucásicas. Por otra parte, Ibarra-Rivera *et al.* (2008) analizaron las relaciones genéticas entre grupos mayas, mostrando evidencia de que existió flujo genético entre las distintas poblaciones analizadas. Kidd *et al.* (1991) comparan tres poblaciones de indígenas de América, dos brasileñas y una población maya de Campeche, con europeos; reportando una heterocigosis menor en las poblaciones indígenas.

Entre los estudios de diversidad genética que tienen el objetivo identificar determinantes genéticos que correlacionen con la predisposición a ciertas enfermedades o para generar información que permita desarrollar sistemas de detección de enfermedades determinadas genéticamente (congénitas); se encuentra el trabajo de Fullerton *et al.* (2001), quienes analizaron la correlación entre ciertos polimorfismos alélicos previamente identificados entre diversas poblaciones humanas, y su riesgo a desarrollar enfermedades cardiovasculares o Alzheimer; analizando la diversidad genética existente en dichos polimorfismos entre

poblaciones específicas de piel oscura de Mississippi, Mayas de Campeche, Finlandeses y blancos no hispanos. Otro ejemplo es el reportado por Gamas-Trujillo *et al.* (2006) en el que analizan pacientes del sureste de México afectados con distrofia muscular. Recientemente muestras de pobladores mestizos e indígenas del estado de Campeche fueron colectadas como parte del proyecto “Diversidad Genómica de la Población Mexicana”, a cargo de Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN). Aprovechando las modernas técnicas de análisis genómico, se tiene la expectativa de que el estudio coadyuve en la identificación de determinantes genéticos asociados a enfermedades de alta incidencia en la región, como la obesidad o la alta tendencia al suicidio. Los resultados de este muestreo no han sido incluidas en lo reportado a la fecha (Silva-Zolezzi *et al.*, 2009; <http://diversity.inmegen.gob.mx>). En esta revisión no se identificaron trabajos realizados enfocados a describir la diversidad genética del agente causal de la Tripanosomiasis americana, el *Trypanosoma cruzi*.

Otro grupo de estudios de diversidad genética relacionados con la salud humana son los enfocados a caracterizar las poblaciones de los agentes causales o de los vectores transmisores de enfermedades que afectan al humano. En el estado es de especial relevancia realizar estudios de diversidad genética de agentes patógenos y de insectos plaga o transmisores de enfermedades de alta incidencia en el trópico; tanto de humanos como de ganado u otras especies domésticas. Por ejemplo, Tamay-Segovia *et al.* (2008) realizaron un estudio en el estado sobre *Triatoma dimidiata*, el único vector de la enfermedad de Chagas identificado en Campeche (*Tripanosomiasis americana*), identificando dos grupos genéticamente y de distribución geográfica diferente; uno asociado a las zonas selváticas y otro distribuido en la costa. La enfermedad de Chagas es un problema de salud muy relevante en la península, donde un alto porcentaje de la población es seropositiva a esta enfermedad. Análisis similares de diversidad gené-



tica son requeridos para complementar estudios como el realizado por Barrera-Pérez (2003) en el cual estudiaron la distribución geográfica, dinámica poblacional y variaciones poblacionales estacionales de *T. dimidiata* específicamente en la península de Yucatán, donde se podría analizar si los biotipos domiciliarios y silvestres identificados en ese estudio son genéticamente diferenciados o si son similares, con lo que se aportaría más información para optimizar de los programas de control del vector.

Los estudios enfocados a caracterizar las poblaciones de agentes causales de enfermedades humanas tienen el potencial de; además de generar herramientas moleculares de diagnóstico rápido y preciso; coadyuvar en los estudios de identificación de susceptibilidad a antibióticos y fármacos. Los estudios realizados en el estado a este respecto son prácticamente nulos, y sólo se han realizado algunos muestreos dentro de estudios de diversidad genética de los agentes causales

de alguna de las enfermedades de gran importancia en el trópico. Díaz *et al.* (2002) analizaron las variaciones genéticas en una región del virus del dengue en muestras de pacientes de un amplio número de poblaciones de Yucatán colectadas en diversos años; en el cual incluyeron un par de muestras de pacientes de Campeche. En la revisión aquí realizada no se identificaron trabajos de diversidad genética realizados en la región sobre el mosquito transmisor de la enfermedad (*Aedes aegypti*). Otra enfermedad parasitaria tropical relevante en el sureste de México es la Leishmaniasis, sobre cuyo agente patógeno se han iniciado estudios de caracterización genética (Berzunza-Cruz *et al.*, 2000). Estudios de este tipo podrían coadyuvar a los esfuerzos realizados para identificar cepas susceptibles o para generar nuevos y mejores métodos de tratamiento, como los reportados por León-Pérez *et al.* (2007). No se identificaron estudios sobre el vector transmisor de esta enfermedad, moscos del género *Lutzomyia*.

El cólera es otra afección importante en la región, cuyo agente causal ha sido identificado como presente hasta en un 31% de las muestras analizadas en localidades como Becal (Issac-Márquez *et al.*, 1998). Beltrán *et al.* (1999) realizaron un estudio en el que se identificaron y se correlacionaron los diversos genotipos con diversos serotipos de la bacteria *Vibrio cholerae*, el agente causal del cólera, en el cual se incluyeron diversas muestras de agua colectadas en Campeche.

Los estudios de diversidad genética hasta ahora realizados; tanto de plagas como de agentes causales o vectores de las varias enfermedades que aquejan a la población del estado, así como de los determinantes genéticos de enfermedades o predisposiciones genéticas asociados a la población humana que habita esta región; si bien representan un avance, son ampliamente insuficientes. Realizar estudios amplios de diversidad genética en el estado en dichos temas aportaría información fundamental requerida para comprender y controlar la transmisión y desarrollo de enfermedades, así como para optimizar tratamientos y protocolos de control o erradicación.

REFERENCIAS

- Antunez De Mayolo A., G. Antunez De Mayolo, E. Thomas, EP. Reategui, M. Brown, y RJ. Herrera, 1999. Worldwide distribution of a polymorphic Alu insertion in the progesterone gene. p. 213-222. In: Papiha SS, Deka R, Chakraborty R (eds) Genomic diversity: applications in human population genetics. Kluwer Academic/Plenum Publishers, New York.
- Barrera- Pérez MA., 2003. Dinámica poblacional de *Triatoma dimidiata*, vector de la enfermedad de Chagas, en la península de Yucatán, México. Tesis de doctorado. Centro Universitario de Investigaciones Biomédicas. Facultad de Medicina. Universidad de Colima.
- Beltrán P, Delgado G., A. Navarro, F. Trujillo, RK. Selander, y A. Cravioto, 1999. Genetic diversity and population structure of *Vibrio cholerae*. *Journal of Clinical Microbiology*, 37(3):581-590.
- Berzunza-Cruz M., G. Bricaire, Zuluaga-Romero, SR. Pérez-Becker, E. Saavedra-Lira, R. Pérez-Montfort, M. Crippa-Rossi, O. Velasco-Castrejón, y I. Becker, 2000. *Leishmania mexicana mexicana*: Genetic heterogeneity of mexicanisolates revealed by restriction length polymorphism analysis of kinetoplast DNA. *Experimental Parasitology*, 95(4):277-284.
- Díaz FJ., JA. Farfán-Ale, KE. Olson, MA. Loroño-Pino, DJ. Gubler, CD. Blair, WC. Black IV, y BJ. Beaty, 2002. Genetic variation within the premembrane coding region of dengue viruses from the Yucatán Peninsula of México. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 67(1):93-101
- Fullerton SM, AG. Clark, KM. Weiss, DA. Nickerson, SL. Taylor, JH. Stengård, V. Salomaa, E. Vartiainen, M. Perola, E. Boerwinkle, y CF. Sing, 2000. Apolipoprotein E variation at the sequence haplotype level: implications for the origin and maintenance of a major human polymorphism. *The American Journal of Human Genetics*, 67(4):881-900.

Gamas-Trujillo PA., MG. García-Escalante, L. González-Herrera, I. Castillo-Zapata, y D. Pinto-Escalante, 2006. Detección de deleciones en pacientes con distrofia muscular de tipo Duchenne / Becker en el sureste de México. *Revista Salud Pública y Nutrición*. Ed. Especial no. 5

Herrera RJ., DP. Rojas, y MC. Terreros, 2007. Polymorphic alu insertions among Mayan populations. *Journal of Human Genetics* 52(2): 103-199.

Ibarra-Rivera L., S. Mirabal, MM. Regueiro, y RJ. Herrera, 2008. Delineating genetic relationships among the Maya. *American Journal of Physical Anthropology*, 135(3):329-347.

Isaac-Márquez AP., CM. Lezama-Dávila, C. Eslava-Campos, A. Navarro-Ocaña, y A. Cravioto-Quintana, 1998. Serotypes of *Vibrio cholerae* non-O1 isolated from water supplies for human consumption in Campeche, México and their antibiotic susceptibility patterns. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 93:17-22.

Kidd JR, FL. Black, KM. Weiss, I. Balazs, y KK. Kidd, 1991. Studies of three Amerindian populations using nuclear DNA polymorphisms. *Human Biology*, 63(6):775-794.

León-Pérez F., L. Gómez-García, R. Alejandro-Aguilar, R. López y VM. Monteón, 2007. Mexican *Trypanosoma cruzi* Isolates: *In vitro* susceptibility of epimastigotes to anti-*Trypanosoma cruzi* drugs and metacyclic forms to complement-mediated lysis. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 7(3):330-336.

Silva-Zolezzi I.,A. Hidalgo-Miranda, J. Estrada-Gil, JC. Fernandez-Lopez, L. Uribe-Figueroa, A. Contreras, E. Balam-Ortiz, L. del Bosque-Plata, D. Velazquez-Fernandez, C. Lara, R. Goya, E. Hernandez-Lemus, C. Davila, E. Barrientos, S. March, y G. Jimenez-Sanchez, 2009. Analysis of genomic diversity in Mexican Mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(21): 8611-8616.

Tamay-Segovia P., R. Alejandro-Aguilar, F. Martínez, G. Villalobos, FJ. de la Serna, P. de la Torre, JP. Laclette, S. Blum-Domínguez, y B. Espinoza, 2008. Two *Triatoma dimidiata* clades (Chagas disease vector) associated with different habitats in southern Mexico and Central America. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 78(3):472-478.



Foto: David Arturo González Villareal, CONABIO.

Aedes aegypti, mosquito transmisor del dengue.

Bioprospección de los recursos genéticos

*Joel Lara Reyna
y Aída Martínez Hernández*

El estado de Campeche comprende 58 858 km² de superficie y 425 kilómetros de litoral; hacia el centro de su territorio existen áreas poco explotadas, y 32% de su territorio está protegido con el establecimiento de reservas, incluyendo el área tropical protegida más grande de todo México (Calakmul), con una superficie de 723 185 hectáreas, lo que convierte a Campeche en uno de los estados mexicanos con más áreas protegidas del impacto demográfico. Contando con estas condiciones, el estado posee una gran biodiversidad, a la fecha, no bien documentada y prácticamente, no descrita a nivel genético.

Una gran biodiversidad, además de las implicaciones ecológicas y ambientales, implica contar con un reservorio de recursos genéticos de gran interés antropocéntrico: genes de resistencia a enfermedades, genes de proteínas con efecto biológico como toxinas, genes de enzimas responsables de la producción de metabolitos químicos con efecto biológico de interés médico (antibióticos, desinflamatorios, anticancerígenos, antivirales), agrícola (bioinsecticidas, molusquicidas, quitinasas) o industrial (proteasas, celulasas).

La bioprospección es el proceso de búsqueda y evaluación que permite aislar, seleccionar, identificar y aprovechar para beneficio humano tanto a organismos vivos, como a sus componentes (por ejemplo sus metabolitos, o sus genes); a partir de los recursos que forman parte de la biodiversidad.

Por ejemplo, la flora silvestre de la península de Yucatán —en combinación con el conocimiento etnobotánico de la cultura maya respecto a su aprovechamiento tanto en uso medicinal como gastronómico— constituye un relevante recurso para la bioprospección. Entre los recursos florísticos que forman parte de la flora nativa del estado de Campeche podemos citar la chaya (*Cnidoscolus*), el achiote (*Bixa orellana*), las variedades de chile habanero (*Capsicum chinense*), diversas plantas ornamentales y hortalizas entre muchos otros. Algunas especies son endémicas y/o su centro de origen o domesticación es México. Estos recursos de ser debidamente caracterizados y aprove-

chados, poseen el potencial de ofrecer fuentes alternativas de derrama económica a la región, ya que además de que se posibilitaría el registro de variedades y la denominación de origen de varias de estas plantas, sería factible identificar genes involucrados en las rutas metabólicas de productos bioactivos de interés producidos por la flora nativa, conduciendo al aprovechamiento biotecnológico de sus genes y metabolitos. Un ejemplo de esto es el trabajo realizado en el proyecto FOMIX-Campeche 23821, en el cual se están caracterizando los genes del *Agave tequilana* y agaves de la región, con el fin de identificar, caracterizar y patentar aquéllos con potencial de uso biotecnológico (Martínez-Hernández *et al.*, 2007).

En el caso de los microorganismos, éstos son y han sido históricamente fuente de numerosos productos bióticos de utilidad para el hombre, desde las levaduras que fermentan vinos, pan y cerveza, hasta los hongos que producen antibióticos de uso humano. La microbiota del estado de Campeche, tanto la terrestre como la acuática, puede ser una fuente notable de productos naturales como enzimas, toxinas, bioinsecticidas, biopolímeros; además pueden ser útiles en procesos industriales y ambientales como la bioremediación. Ejemplos de posibles aplicaciones de los microorganismos del estado son discutidos más adelante.

Las herramientas biotecnológicas actualmente disponibles contribuyen así no sólo a la descripción de la diversidad genética, sino también a la conservación, uso y aprovechamiento de esa biodiversidad. Por ejemplo, el cultivo *in vitro* de tejidos vegetales; además de ser una herramienta útil para la conservación de germoplasma y micropropagación de plantas de interés comercial o de plantas en peligro de extinción, como el palo de tinte (*Haematoxylon campechianum*),



Foto: Humberto Caamal, COLPOS.

El cultivo *in vitro* de plantas es una técnica biotecnológica útil para la conservación *ex situ* de germoplasma nativo, para la micropropagación de cultivos o de especies en peligro de extinción, y para el mejoramiento genético.

* La variación somaclonal es la variación en el contenido genético y en las características morfológicas de plantas, por efecto del cultivo *in vitro*, debido a mutaciones, poliploidías, o entrecruzamientos cromosómicos.



Bixa orellana (achiote).

el chicle (*Manilkara zapota*), orquídeas o especies maderables, sin necesidad de impactar la flora silvestre por la extracción masiva; permite la selección de líneas elite y puede contribuir a generar diversidad genética por variación somaclonal* en especies con inestabilidad genómica y en conjunto, con otras estrategias como la ingeniería genética, tratamientos mutagénicos, poliploidización, formación de híbridos por fusión de protoplastos, entre otras; al mejoramiento genético. Las técnicas moleculares (de análisis de ADN) permiten además identificar y caracterizar genes proteínas y genes de interés biotecnológico. Por ejemplo, los estudios de secuenciación masiva de ADN “ambiental” (metagenómica) permiten conocer no la diversidad

microbiológica en comunidades de ambientes muy específicos, como cenotes y manglares o ambientes extremos como geisers, volcanes marinos o incluso la flora intestinal de insectos; y ayuda en la identificación de nuevos genes de interés biotecnológico sin la necesidad de cultivar a los microorganismos (Singh, 2010), y de esa manera aprovechar el potencial de nuevas proteínas, enzimas o antibióticos. Otras técnicas masivas como la proteómica y la metabolómica han revolucionando, a nivel mundial, la estrategia para la identificación de compuestos y metabolitos de interés antropocéntrico por sus aplicaciones médicas o industriales, y por la derrama económica derivable de su aprovechamiento. Recientemente Soares *et al.* (2010) identificaron, mediante la utilización de herramientas de secuenciación masiva, genes involucrados en rutas de biosíntesis de metabolitos bioactivos de *Bixa orellana* (achiote); planta que, además de producir el pigmento ampliamente utilizado en la gastronomía peninsular, se le adjudica la propiedad de ser útil en la prevención o tratamiento de cáncer y como agente antimicrobiano.

Sin embargo, a pesar de todas las herramientas actualmente disponibles, el potencial de los recursos genéticos de Campeche está prácticamente inexplorado en cualquier tipo de organismos: flora, fauna, o microbiota. Esta situación no sólo implica que los habitantes de la región puedan gozar de la derrama social y económica derivable de su aprovechamiento; sino que existe el riesgo de que, de continuar sin descripción, éstos sean caracterizados y patentados por grupos extranjeros, la cual constituye una moderna forma de biopiratería.

A diecisiete años de haberse firmado el Convenio sobre Diversidad Biológica, ratificado en 1993; los marcos legislativos nacionales –a la fecha– no están claros y son insuficientes. Así, no sólo existe debilidad legislativa y ejecutiva en materia de protección a áreas naturales ricas en biodiversidad o en materia de protección a los recursos bióticos; sino que la legislación en materia protección a los recursos

genéticos es básicamente nula en el país. La Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (OGMs), publicada en el Diario Oficial de la Federación el 18 de marzo de 2005 se enfoca solamente a recomendaciones respecto al manejo de OGMs; pero no atiende los temas de la biopiratería ni de la propiedad intelectual sobre los recursos genéticos y la protección por patente de los genes. Bajo esta circunstancia, los recursos genéticos inherentemente contenidos en los recursos bióticos son fácilmente extraídos y estudiados en otros países sin establecer convenios de colaboración que aseguren el reparto equitativo de los potenciales desarrollos biotecnológicos, como marcan los tratados internacionales. Por otra parte, no existe legislación que dicte las normas de publicación y que brinde protección intelectual sobre secuencias génicas publicadas, fácilmente decodificadas con las tecnologías actualmente disponibles a partir tanto de especies de alto valor biotecnológico (agrícola, médico, industrial) como a partir de especies endémicas o con centro de origen en nuestro país, quedando a criterio de los investigadores dónde y cuándo publicar dichas secuencias; las cuales, al ser públicas, podrán ser utilizadas por otros países para generar desarrollos tecnológicos.

Por ello, se considera prioritario establecer un programa nacional de bioprospección que apoye el desarrollo de proyectos estatales para identificar recursos bióticos con potencial genético para desarrollos biotecnológicos, y financiar la identificación y caracterización de genes susceptibles de ser patentados; así como legislar apropiadamente para la protección intelectual de los recursos genéticos en proceso de evaluación y asegurar que, de establecerse proyectos de desarrollos tecnológicos basados en los recursos genéticos nacionales, exista una retribución económica que derive en una mejora social para los grupos humanos originalmente poseedores del recurso y del conocimiento étnico del uso de dicho recurso. Adicionalmente se requiere se destinen recursos financieros para aprovechar las herramientas biotecnológicas útiles para la conservación ex situ de germoplasma: ban-

cos de germoplasma vegetal in vitro, bancos de esperma, bancos de ADN o bancos metagenómicos. A nivel estatal es también prioritario identificar las especies prioritarias para el estado a estudiar en cuanto a la diversidad genética del germoplasma nativo (e.g. especies en peligro de extinción, endémicas, medicinales, maderables, variedades criollas de cultivos domesticados, marinas, microbiota de cenotes, entre otras).

En Colombia, Costa Rica y Chile, por ejemplo, el aprovechamiento de los recursos genéticos se viene realizando desde hace varios años (Melgarejo *et al.*, 2002; Manzur, 1997; Carrizosa, 2000), y los gobiernos respectivos han desarrollado planes nacionales de bioprospección (Melgarejo *et al.*, 2002).

Las acciones aquí sugeridas, entre otras, deberían estar presentes en planes regionales y estatales, y a su vez deberán estar contempladas en el Plan de Acción Nacional en Materia de Biodiversidad, el cual tendrá el objetivo de poner en marcha los lineamientos planteados en la Estrategia Nacional sobre Biodiversidad de México, publicada por la CONABIO en diciembre del 2008.

Actualmente, en la Estrategia Nacional (CONABIO, 2000), si bien contempla el nivel genético implícito en la biodiversidad y cuatro líneas estratégicas, en las cuáles se encuentra tácito el componente genético de la biodiversidad: a) protección y conservación, b) valoración de la biodiversidad, c) conocimiento y manejo de la información, d) diversificación del uso; no se establecen acciones específicamente enfocadas a la conservación y descripción de la biodiversidad a nivel génico, ni se refiere a particularidades involucradas con el aprovechamiento de los recursos genéticos o a la legislación requerida para el aprovechamiento y el reparto justo de las utilidades derivadas del uso de los mismos. El plan de acción mexicano deberá contemplar acciones, en congruencia con esas cuatro líneas estratégicas, que expliciten y atiendan específicamente el componente genético de la biodiversidad.

Una iniciativa que se encuentra ya en desarrollo es la de la implementación de la Red Mexicana de Código de Barras de la Vida, la cual forma parte del Proyecto Internacional para el Código de Barras de la Vida y tiene como objetivos generar la huella molecular de organismos de importancia para el país. Este esfuerzo representa un primer paso para describir las especies consideradas, y coadyuven en su identificación, registro, y a su correcta clasificación taxonómica; pero no incluye estudios de diversidad genética ni de bioprospección.

El Plan Nacional de Desarrollo 2007-2012, (<http://pnd.calderon.presidencia.gob.mx/sustentabilidad-ambiental.html>), aunque limitado por estar planteado en un marco sexenal, incluye el aspecto de sustentabilidad ambiental, en el que, si bien no se explicitan, quedan incluidos el estudio y la protección de los recursos y la diversidad genéticos a en todos los aspectos de sustentabilidad considerados (agua, bosques y selvas, biodiversidad, gestión y justicia en materia ambiental, ordenamiento ecológico, cambio climático, residuos peligrosos, investigación científica ambiental, educación y cultura ambiental). Sin embargo, para que derivase en acciones que realmente aborden el aspecto genético de la biodiversidad, esto debería quedar explícito en acciones específicas, ya que la falta de información y conocimiento tanto de las definiciones, conceptos y potencial de los estudios de diversidad genética y bioprospección de los recursos genéticos, conducen a la carencia de financiamiento y programas que los impulsen, tanto a nivel estatal, como regional.

En conclusión, el estado de Campeche, a partir de un entendimiento real de la importancia del aprovechamiento sustentable de sus recursos naturales, en particular su biodiversidad, por parte de todos los actores: gobierno y sociedad; debe desarrollar y ejecutar un plan que conduzca a la descripción, caracterización, protección legal y aprovechamiento racional de los mimos.

REFERENCIAS

- Carrizosa, P. S., 2000. Bioprospección y el acceso a los recursos genéticos: una guía práctica. Corporación Autónoma Regional de Cundinamarca (Bogotá). 159 p
- CONABIO, 2000. Estrategia nacional sobre biodiversidad de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México.
- Melgarejo, L. M., J. Sánchez, C. Reyes, F. Newmark, y M. Santos, 2002. Plan Nacional en Bioprospección Continental y Marina (Propuesta Técnica). Serie INVERMAR, Cargraphics (Colombia). Vol I. 122 p.
- Manzur, M.I., 1997. Bioprospección y conservación de la biodiversidad en Chile. *Noticiero de Biología* (Chile), 5(2): 104-114.
- Martínez-Hernández A., J. Pastrana-Chávez, A. Sánchez-Villarreal, J. Lara-Reyna, L. Herrera-Estrella, A. Herrera-Estrella, O. Martínez de la Vega, y J. Simpson-Williamson, 2007. Genómica de *Agave tequilana*: Identificación de genes útiles para la industria tequilera y el desarrollo de uso alternativos del Agave. Resumen in extenso en memorias on line de la 2ª. Reunión de Innovación Tecnológica Agrícola y Forestal (RNIAF) 2007. <http://www.rniaf.org.mx/2007/memoria/ponencias/index.htm>
- Singh BK., 2010. Exploring microbial diversity for biotechnology: the way forward. *Trends Biotechnol.* . [Epub ahead of print]
- Soares, VL., SM. Rodrigues, TM. de Oliveira, TO. de Queiroz, LS. Lima, BT. Hora-Júnior, KP. Gramacho, F. Micheli, JC. Cascardo, WC. Otoni, AS. Gesteira, y MG. Costa, 2010. Unraveling new genes associated with seed development and metabolism in *Bixa orellana* L. by expressed sequence tag (EST) analysis. *Molecular Biology Report*. 2010 Jun 19. [Epub ahead of print].

Estudio de caso: importancia biotecnológica de los recursos microbianos

*Benjamín Otto Ortega Morales
y Susana del C. de la Rosa García*

La biotecnología se define como la aplicación de principios científicos y de ingeniería para producir bienes y servicios a través del uso de agentes biológicos. La biotecnología ha representado desde la antigüedad la solución a muchos problemas importantes, esencialmente en los campos de salud (antibióticos y vacunas) y en la producción de alimentos vía procesos fermentativos, tales como el pan o la cerveza. Actualmente las aplicaciones de la biotecnología no se restringen a los sectores alimentarios y de la salud, ya que la innovación en esta disciplina ha alcanzado sectores como el pecuario, el ambiental y más recientemente el energético (biocombustibles) (tabla 1).

El negocio de las industrias basadas en biotecnología se fundamenta en parte en la búsqueda de biología explotable o dicho en los términos del Convenio sobre la Diversidad Biológica, en el uso de los recursos genéticos. Estos recursos genéticos comprenden materiales biológicos de origen vegetal, animal o microbiano; los cuales contienen la información hereditaria necesaria para perpetuarse y que es responsable de las propiedades que los hacen útiles a la sociedad (Secretariat of the Convention of Biological Diversity, 1997). Un programa típico

de bioprospección microbiológica involucra la colecta de recursos genéticos apropiados, el análisis preliminar masivo para identificar los microorganismos que poseen una propiedad de interés, la conducción de estudios confirmatorios y complementarios, y finalmente el desarrollo de un producto o proceso comercial.

Diversas áreas del desarrollo biotecnológico se han visto favorecidas gracias al potencial que ofrecen los recursos genéticos microbianos, ya que proveen una gran cantidad de productos, mismos que pueden agruparse por categorías (ver tabla 1).

Una importante motivación para el desarrollo de la biotecnología microbiana se deriva de su valor económico. El valor total aproximado del mercado mundial de productos biotecnológicos en 1999 fue de \$ 800 billones de dólares; de los cuales el 25% representan productos y bienes de origen microbiano. Asimismo, considerando que menos de 1% de las especies microbianas existentes han sido aisladas (Am-

Tabla 1. Productos microbianos de interés biotecnológico (Modificado de Kuo y Garrity, 2000).

Categoría	Proceso/Producto	Aplicación/Subproducto
Productos primarios.	Aditivos alimentarios.	Ácidos orgánicos, aminoácidos, ácidos grasos poliinsaturados, agentes espesantes, vitaminas.
	Solventes.	Acetona, butanol y etanol.
	Enzimas.	Proteasas, amilasas, lipasas y celulasas.
	Células.	Levadura.
	Biocombustibles.	Etanol, biodiesel, metano e hidrógeno.
Químicos finos.	Agroquímicos.	Bioplaguicidas.
	Farmacéuticos.	Antibióticos, antitumorales, anticoagulantes.
	Reactivos de laboratorio.	Enzimas, células y ficoeritrina.
	Reactivos de diagnóstico.	Ácidos nucleicos, antígenos y proteínas.

man *et al.*, 1995) y que de éstas sólo el 10% han sido estudiadas con el fin de determinar su valor biotecnológico, se pone en evidencia que el campo de bioprospección microbiana representa un área con un potencial muy prometedor.

Referencia

Ammann R., J. W. Ludwig, y K. H. Schleifer, 1995. Phylogenetic identification and *in situ* detection of individual microbial cell without cultivation. *Microbiological Reviews*, 59: 143-169.

Kuo A., y G.M. Garrity, 2002. Exploiting microbial diversity. In: J.T. Staley and A.L. Reysenbach (ed.). *Biodiversity of Microbial Life*. Wiley, Cichester, UK.

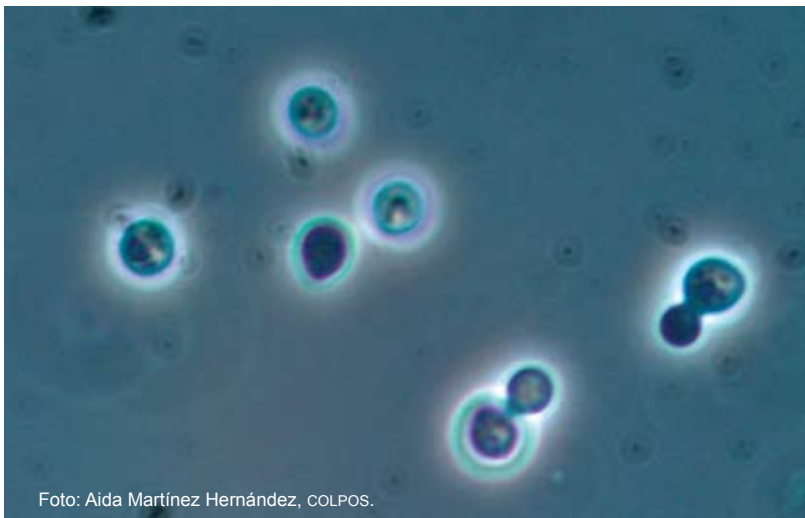


Foto: Aida Martínez Hernández, COLPOS.

Levaduras (*S. cerevisiae*) expresando genes de agave de importancia biotecnológica.

Estudio de caso: potencial de los recursos genéticos y necesidades de estudio. Prospección en Campeche

María C. Rosano-Hernández

Todo el conjunto de microorganismos tiene una función en la biosfera, por lo que *per se* deben ser mantenidos. Aunque las Eubacteria parecen ser importantes en el medio marino somero de Campeche, no son seguramente el único componente microbiano. Las Archaea, presentes en ambientes extremos (DeLong, 1992), son factibles de ser también encontradas en Campeche, en ambientes como las playas rocosas expuestas de Sabancuy-Champotón (Santiago, 2002), los volcanes de petróleo en aguas profundas (McDonald *et al.*, 2004) y en los suelos calcáreos e hipersalinos (blanquizales) de Los Petenes (Mas y Correa, 2000), entre otros ambientes que habría que investigar.

Se ha sugerido inventariar la diversidad microbiana de los sedimentos de las playas y explorar su capacidad genética en la transformación de hidrocarburos (Rosano Hernández *et al.*, 2007). Tanto el nivel de resolución de las unidades taxonómicas operativas (Horner-Devine, 2004) como la escala de trabajo serían fundamentales durante esta etapa. Los genes de las bacterias asociadas podrían codificar hacia la síntesis de enzimas aplicables industrialmente en la limpieza de petróleo en ambientes costeros. Pero su uso en la degradación de hi-

drocarburos no sería la única aplicación. La síntesis de vitaminas y otras sustancias prebióticas, la producción de detergentes y emulsificantes naturales, antibióticos y enzimas de uso industrial son algunos ejemplos del potencial biotecnológico que tendría la microbiología del estado de Campeche.

Entre los investigadores y tomadores de decisión, se ha detectado escaso conocimiento sobre el papel ecológico de los microorganismos y poco interés por incluirlos tanto en los proyectos de investigación, como en los estudios de impacto ambiental requeridos por instancias federales. Ningún microorganismo figura en la norma oficial mexicana sobre protección ambiental NOM-059-SEMARNAT-2001, ni en el proyecto reciente de su modificación (Diario Oficial de la Federación, 2008). Tampoco hay un centro de depósito de cepas aisladas en ambientes de la región. Por lo anterior, se recomienda estimular en principio: (1) la estructuración y financiamiento de proyectos científicos que aborden el estudio de los patrones de distribución de la diversidad microbiana, así como su función en los ecosistemas del estado; (2) formación de microbiólogos ambientales, taxónomos, ecólogos microbianos y especialistas en taxonomía, filogenética y bioinformática; (3) inclusión explícita de los microorganismos tanto en la normatividad estatal y federal, como en los programas de manejo y conservación, estudios de impacto ambiental y planes de estudio; (4) conformación a mediano o largo plazo, de un centro estatal para el depósito de cepas microbianas, que desarrolle investigación en microbiología, ecología molecular y biotecnología sobre los recursos microbianos del estado.

Referencias

- DeLong, E.F., 1992. Archaea in coastal marine environments. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 89: 5685-5689.
- Horner-Devine, M.C., K.M. Carney, y B.J.M. Bohannon, 2004. An ecological perspective on bacterial diversity. *Proceedings of the Royal Society*, 271:113-122.
- Mas, J.F., y S.J. Correa, 2000. Análisis de la fragmentación del paisaje en el área protegida de "Los Petenes", Campeche, México. Investigaciones Geográficas. *Boletín del Instituto de Geografía*, 43: 42-59.
- McDonald, I., G. Bohrmann, E. Escobar, F. Abegg, P. Blanchon, V. Blinova, W. Brückmann, M. Drews, A. Eisenhauer, X., Han, K. Heeschen, F. Meier, C. Mortera, T. Naehr, B. Orcutt, B. Bernard, B. Brooks, y M. de Faragó, 2004. Asphalt volcanism and chemosynthetic life in the Campeche Knolls, Gulf of Mexico. *Science*, 304: 999-1002.
- Rosano-Hernández M. C., H.C. Ramírez-Saad, L.C. Fernández-Linares, y B. Xoconostle-Cázares, 2007. Molecular analysis of bacterial communities in a coastal beach of the Campeche bank, Gulf of Mexico. Primer Encuentro de Vinculación: Biotecnología para el sureste de México. Campeche, abril 19 y 20, 2007.
- Santiago G., J. L., 2002. Estructura y composición de comunidades cianobacterianas epilíticas marinas de ambientes costeros del sur de Campeche. Tesis de Licenciatura en Química Farmacéutica Biológica. Universidad Autónoma de Campeche. Campeche, Camp. 46 p.

Necesidades de estudio sobre diversidad genética

Aída Martínez Hernández

Como puede detectarse a lo largo de la revisión realizada en esta sección, las necesidades de estudios en el estado respecto a la diversidad genética de sus recursos bióticos son muy amplias, debido a que actualmente este tipo de descripciones, en cualquiera de los reinos, son prácticamente nulas. Los trabajos existentes en flora y fauna son muy escasos, abordando sólo algunas de las numerosas especies de importancia biológica o económica existentes en esta zona del país; y en lo general son parte de estudios regionales más amplios, que documentan solo algunos muestreos puntuales en el estado. La flora y fauna en peligro de extinción, endémica, con alta diversidad, con potencial de uso, entre otras, debe ser caracterizada. Algunos ejemplos específicos de especies de particular relevancia están mencionados en las secciones correspondientes. En el caso de los microorganismos, los estudios que se han realizado en el estado son puntuales y están enfocados a comunidades y localidades muy particulares, principalmente en bacterias, y no abordan otro tipo de microorganismos también relevantes para los ecosistemas, como protistas y hongos. Por su alto potencial biotecnológico, la microbiota de diferentes hábitats existentes en el estado, terrestres y acuáticos, debería ser caracterizada.



Foto: Jorge A. Vargas, UAC.

Actualmente existen diversas herramientas moleculares útiles para realizar estudios de diversidad genética. México, en los últimos años, ha realizado inversiones importantes en la creación de laboratorios e institutos nacionales que tienen la infraestructura necesaria para realizar secuenciación genómica y metagenómica; y cuentan además con un número importante de investigadores formados en biología molecular. Por su parte, en el estado de Campeche existe actualmente al menos con un grupo de biología molecular en consolidación. De fortalecer los recursos humanos e infraestructura actualmente disponibles en el estado, de establecer proyectos colaborativos con los centros nacionales de análisis genómico, y de canalizar los recursos financieros requeridos; el propio estado podría conducir y desarrollar proyectos de investigación científica dirigidos a caracterizar la diversidad genética de su biodiversidad, incluyendo especies amenazadas, endémicas o con potencial biotecnológico.

El retraso en el inicio de este tipo de acciones demora la posibilidad de proteger los recursos bióticos y genéticos a través del registro de variedades y patentes; así como de tomar las acciones adecuadas para proteger y recuperar las especies o poblaciones amenazadas en el estado.



Foto: José del Carmen Puc Cabrera, ECOSUR.

Molossus rufus, hembra.