



KUXULKAB'

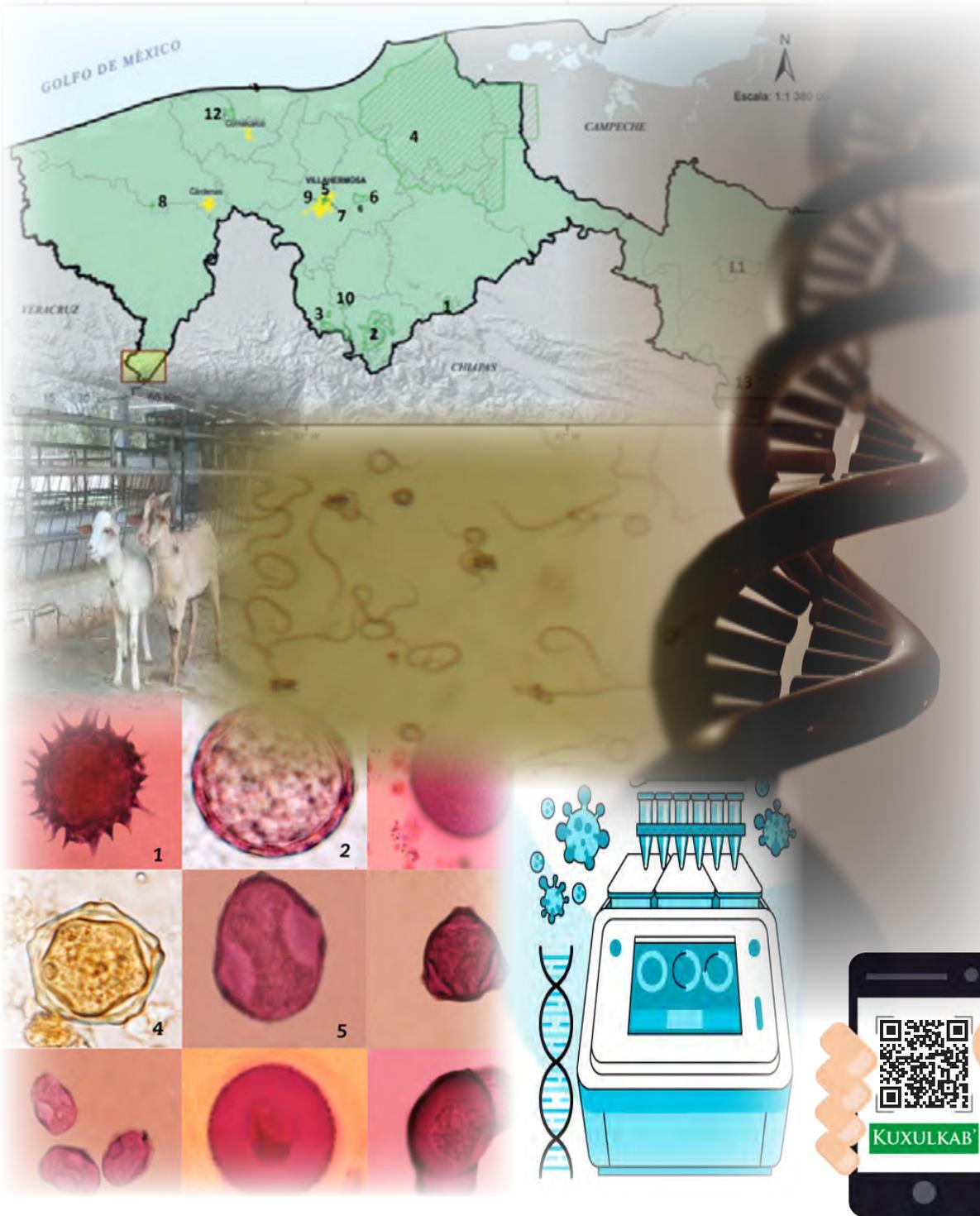
-Tierra viva o naturaleza en voz Chontal-

Volumen 28

Número 61

Mayo-Agosto 2022

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco
División Académica de Ciencias Biológicas





TRABAJO DE CAMPO: PROFESORA DE LA DACBioI-UJAT EN LA COLECTA DE MUESTRAS DE POLEN DE *Rizophora mangle*.
Laguna de Términos; Campeche; México.

Fotografía: cortesía de Marcela Alejandra Cid Martínez



UJAT

UNIVERSIDAD JUÁREZ
AUTÓNOMA DE TABASCO

“ ESTUDIO EN LA DUDA. ACCIÓN EN LA FE ”

DIRECTORIO

L.D. Guillermo Narváez Osorio
Rector

Dra. Dora María Frias Márquez
Secretaria de Servicios Académicos

Dr. Wilfrido Miguel Contreras Sánchez
Secretario de Investigación, Posgrado y Vinculación

Mtro. Jorge Membreño Juárez
Secretario de Servicios Administrativos

Mtro. Miguel Armando Vélez Téllez
Secretario de Finanzas

Dr. Arturo Garrido Mora
Director de la División Académica de Ciencias Biológicas

Dra. Ana Rosa Rodríguez Luna
Coordinadora de Investigación y Posgrado, DACBioI-UJAT

M. en A. Emilio Ocampo Morales
Coordinador Administrativo, DACBioI-UJAT

M.I.P.A. Araceli Guadalupe Pérez Gómez
Coordinadora de Docencia, DACBioI-UJAT

M.C.A. Yessenia Sánchez Alcudia
Coordinadora de Difusión Cultural y Extensión, DACBioI-UJAT

COMITÉ EDITORIAL DE KUXULKAB'

Dr. Andrés Reséndez Medina †
Editor fundador

Biól. Fernando Rodríguez Quevedo
Editor ejecutivo y encargado

Dra. Coral Jazvel Pacheco Figueroa

Dr. Jesús García Grajales

Dra. Carolina Zequeira Larios

Dr. Rodrigo García Morales

Dra. María Elena Macías Valadez-Treviño
Ocean. Rafael García de Quevedo Machain

M.C.A. Ma. Guadalupe Rivas Acuña

Dr. Nicolás Álvarez Pliego

Dra. Nelly del Carmen Jiménez Pérez

Dr. Marco Antonio Altamirano González Ortega

Dra. Rocío Guerrero Zárate

Dr. Eduardo Salvador López Hernández

Dra. Nadia Florencia Ojeda Robertos

Dr. Maximiano Antonio Estrada Botello

Dra. Melina del Carmen Uribe López

Dr. José Guadalupe Chan Quijano

Dra. Martha Alicia Perera García

Editores asociados

Dra. Ramona Elizabeth Sanlúcar Estrada

M.C.A. Alma Deysi Anacleto Rosas

Dra. Ena Edith Mata Zayas

M. en Pub. Magally Guadalupe Sánchez Domínguez

Correctores de estilo

M.C.A. María del Rosario Barragán Vázquez

M. en C. Leonardo Noriel López Jiménez

Dra. Violeta Ruiz Carrera

Correctores de pruebas

M.Arq. Marcela Zurita Macías-Valadez

M. en C. Sulma Guadalupe Gómez Jiménez

Traductoras

L.I.A. Ervey Baltazar Esponda

Soporte técnico institucional

Srta. Ydania del Carmen Rosado López

Téc. Juan Pablo Quiñonez Rodríguez †

Biól. José Francisco Juárez López

Est. Biól. Gloria Cecilia Arecha Soler

Est. G.A. Diana Cecilia Velázquez Leyva

Est. I.A. José Manuel Ramírez Cruz

Apoyo técnico

CONSEJO EDITORIAL (EXTERNO)

Dra. Lilia María Gama Campillo

División Académica de Ciencias Biológicas, UJAT - México

Dr. Roberto Carlos González Fócil

Jefe del Departamento de Revistas Científicas, UJAT - México

Dra. Juliana Álvarez Rodríguez

División Académica de Ciencias Económico Administrativas, UJAT - México

Dr. Jesús María San Martín Toro

Universidad de Valladolid (UVA) - España

ISSN 2448-508X

KUXULKAB'

La revista KUXULKAB' (vocablo chontal que significa «tierra viva» o «naturaleza») es una publicación cuatrimestral de divulgación científica la cual forma parte de las publicaciones periódicas de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco; aquí se exhiben tópicos sobre la situación de nuestros recursos naturales, además de avances o resultados de las líneas de investigación dentro de las ciencias biológicas, agropecuarias y ambientales principalmente.

El objetivo fundamental de la revista es transmitir conocimientos con la aspiración de lograr su más amplia presencia dentro de la propia comunidad universitaria y fuera de ella, pretendiendo igualmente, una vinculación con la sociedad. Se publican trabajos de autores nacionales o extranjeros en español, con un breve resumen en inglés, así como también imágenes caricaturescas.

KUXULKAB' se encuentra disponible electrónicamente y en acceso abierto:



Revistas Universitarias (<https://revistas.ujat.mx/>)

Portal electrónico de las publicaciones periódicas de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT).



Repositorio Institucional (<http://ri.ujat.mx/>)

Plataforma digital desarrollado con el aval del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), se cuenta con un acervo académico, científico, tecnológico y de innovación de la UJAT.



Sistema Regional de Información en Línea para Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal (www.latindex.ppl.unam.mx)

Red de instituciones que reúnen y diseminan información sobre las publicaciones científicas seriadas producidas en Iberoamérica.



PERIÓDICA (<http://periodica.unam.mx>)

Base de datos bibliográfica de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), con registros bibliográficos publicados América Latina y el Caribe, especializadas en ciencia y tecnología.



Nuestra portada:

El suelo, ganado, parásitos, microorganismos y otras cosas más.

Diseño de:

Fernando Rodríguez Quevedo (División Académica de Ciencias Biológicas, UJAT).

Fotografías de:

Imagen alusiva al número publicado y de uso libre en la red.

KUXULKAB', año 28, No. 61, mayo-agosto 2022; es una publicación cuatrimestral editada por la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT) a través de la División Académica de Ciencias Biológicas (DACBioI). Av. Universidad s/n, Zona de la Cultura; Col. Magisterial; Villahermosa, Centro, Tabasco, México; C.P. 86040; Tel. (993) 358 1500, 354 4308, extensión 6415; <https://revistas.ujat.mx>; kuxulkab@ujat.mx. Editor responsable: Fernando Rodríguez Quevedo. Reservas de Derechos al Uso Exclusivo No. 04-2013-090610320400-203; ISSN: 2448-508X, ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor. Responsable de la última actualización de este número: Editor ejecutivo, Fernando Rodríguez Quevedo; Carretera Villahermosa-Cárdenas km 0.5; entronque a Bosques de Saloya; CP. 86039; Villahermosa, Centro, Tabasco; Tel. (993) 358 1500, 354 4308, extensión 6415; Fecha de la última modificación: 13 de mayo de 2022.

Las opiniones expresadas por los autores no necesariamente reflejan la postura del editor de la revista, ni de la DACBioI y mucho menos de la UJAT. Queda estrictamente prohibida la reproducción total o parcial de los contenidos e imágenes de la publicación sin previa autorización de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.



Editorial

Estimados lectores:

Deseario se encuentren bien, en esta oportunidad nos dirigimos para presentar el segundo número de **Kuxulkab'** para este año; muestra de que seguimos trabajando y reforzando esfuerzos para mantener nuestra presencia. Para este número, se cuenta con cuatro aportaciones donde, veremos la importancia de todos aquellos trabajos de investigación y académicos. Queremos señalar la presencia de una aportación proveniente de la División Académica de Ciencias Agropecuarias (DACA), campus universitario de nuestra UJAT; a quien de manera continua le brindamos una fraterna bienvenida.

En exposición a la forma de trabajo en la revista, proporcionamos una sinopsis de las aportaciones que conforman esta publicación:

«**Estado del relicto de selva del «Cerro de las Flores», Sierra de Huimanguillo, Tabasco, México**»; escrito donde se menciona que dicha zona es un fragmento de vegetación arbórea y punto de continuidad entre dos corredores biológicos; señalando la importancia de crear una franja de amortiguamiento que permita su conservación.

«**Biocontrol de parásitos de rumiantes con hongos**», aportación donde se manifiesta la forma en que los hongos producen daño a los parásitos, y esto podría utilizarse para el control integrado de parásitos en la ganadería, particularmente en rumiantes.

«**Historia y aplicaciones de la Reacción en Cadena de la Polimerasa en el diagnóstico clínico**»; participación donde los autores, describen conceptos, utilización así como las ventajas y desventajas de utilizar la PCR como herramienta de apoyo en el diagnóstico de enfermedades como de apoyo en la identificación de organismos (micro y macro).

«**Claves dicotómicas: herramientas básicas para la identificación biológica**»; texto donde se exponen las características básicas para la elaboración y utilización de una clave, cuya utilidad es la identificación de una especie o taxón específico.

Como siempre, la consolidación de este número es un esfuerzo en conjunto con autores, evaluadores, editores asociados y demás miembros del comité editorial de esta revista. Agradecemos, a cada uno de ellos, su apoyo y entusiasmo de colaborar en la divulgación de la ciencia con estándares de calidad emanados por esta casa de estudios. Esperamos vernos pronto.

Arturo Garrido Mora
DIRECTOR DE LA DACBIOL-UJAT

Fernando Rodríguez Queredo
EDITOR EJECUTIVO DE KUXULKAB'

Contenido

ESTADO DEL RELICTO DE SELVA DEL «CERRO DE LAS FLORES», SIERRA DE HUIMANGUILLO, TABASCO, MÉXICO **05-13**

STATUS OF THE FOREST RELICT OF «CERRO DE LAS FLORES», SIERRA DE HUIMANGUILLO, TABASCO, MEXICO

Eduardo Javier Moguel Ordóñez, Nelly del Carmen Jiménez Pérez, Ruth del Carmen Luna Ruiz, Coral Jazvel Pacheco Figueroa, Juan de Dios Valdez Leal, Ena Edith Mata Zayas, Lilia María Gama Campillo & Luis José Rangel Ruiz

BIOCONTROL DE PARÁSITOS DE RUMIANTES CON HONGOS **15-22**

BIOCONTROL OF PARASITES IN RUMINANTS WITH FUNGI

Nadia Florencia Ojeda Robertos, Roger Iván Rodríguez Vivas & Jorge Alonso Peralta Torres

HISTORIA Y APLICACIONES DE LA REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA EN EL DIAGNÓSTICO CLÍNICO **23-32**

HISTORY AND APPLICATIONS OF THE POLYMERASE CHAIN REACTION IN CLINICAL DIAGNOSIS

Rosa Martha Padrón López, Aminta Hernández Marín & Julia María Leshner Gordillo

CLAVES DICOTÓMICAS: HERRAMIENTAS BÁSICAS PARA LA IDENTIFICACIÓN BIOLÓGICA **33-39**

DICHOTOMOUS KEYS: BASIC TOOLS FOR BIOLOGICAL IDENTIFICATION

Carlos Manuel Burelo Ramos & Marcela Alejandra Cid Martínez



HISTORIA Y APLICACIONES DE LA REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA EN EL DIAGNÓSTICO CLÍNICO

HISTORY AND APPLICATIONS OF THE POLYMERASE CHAIN REACTION IN CLINICAL DIAGNOSIS

Rosa Martha Padrón López^{1✉}, Aminta Hernández Marín² & Julia María Leshner Gordillo³

¹Bióloga y Maestra en Ciencias Ambientales por la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT). Responsable del Laboratorio de Microbiología en el Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de Recursos Tropicales (CICART); profesora-investigadora de la División Académica de Ciencias Biológicas (DACBiol-UJAT). ²Bióloga por la UJAT; Maestra en Ciencias en Biología Celular y Molecular por la Universidad de Málaga (España). ³Licenciada en Ciencia de los Alimentos; Doctora en Ciencias y Tecnología de los Alimentos; especialista en genómica. Profesora-investigadora y líder del Cuerpo Académico «Biología genómica» de la DACBiol-UJAT.

Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de Recursos Tropicales (CICART), División Académica de Ciencias Biológicas (DACBiol); Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT): Carretera Federal #180 (Villahermosa-Cárdenas) km 0.5 S/N; entronque a Bosques de Saloya; C.P. 86150. Villahermosa, Tabasco; México.

✉ padronlopez@hotmail.com

¹ 0000-0001-7242-7247 ² 0000-0003-3606-480X

³ 0000-0001-6943-9204

Como referenciar:

Padrón López, R.M.; Hernández Marín, A. & Leshner Gordillo, J.M. (2022). Historia y aplicaciones de la Reacción en Cadena de la Polimerasa en el diagnóstico clínico. *Kuxulkab'*, 28(61): 23-32, mayo-agosto. <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4593>

Disponible en:

<https://revistas.ujat.mx>

<https://revistas.ujat.mx/index.php/kuxulkab>

DOI: <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4593>

Resumen

El descubrimiento de la estructura del ADN fue un evento que dio la pauta para el desarrollo de una nueva era de la biología molecular y de la invención de la técnica reacción en cadena de la polimerasa (PCR) por Kary Mullis, en la década de los 80. La PCR, se basa en el uso de la molécula del ADN para obtener miles de copias del ADN en cuestión. Se caracteriza por su alta sensibilidad, reproducibilidad y por obtener resultados en poco tiempo. Por ello, en la actualidad es utilizada de forma cotidiana en muchos campos del conocimiento de las ciencias biológicas, en la biomedicina, la investigación clínica, entre otras. En el presente artículo se recogen algunas de las aplicaciones más relevantes de la PCR en distintas áreas..

Palabras clave: PCR en tiempo real; Primers; Biología molecular; Taq polimerasa.

Abstract

The discovery of the DNA structure was an event that set the stage for the development of a new era in molecular biology and the invention of the Polymerase Chain Reaction (PCR) technique by Kary Mullis, in the decade of the 80s. The PCR is based on the use of the DNA molecule to obtain thousands of copies of the DNA in question. It is characterized by its high sensitivity, reproducibility and for obtaining results in a very short period of time. For this reason, it is currently used on a daily basis in many knowledge fields of biological sciences, biomedicine and clinical research, among others. In this article some of the most relevant applications of PCR in different areas are presented.

Keywords: Real-time PCR; Primers; Molecular biology; Taq polymerase.

Un hecho histórico en la ciencia, suscitado en 1953, es probablemente el descubrimiento de la estructura de doble hélice del ácido desoxirribonucleico (ADN), descrito por James Watson, Francis Crick, Rosalind Franklin y otros investigadores quienes abrieron la puerta a un mundo desconocido de la biología. Conocer sobre la estructura del ADN permitió entender la función de esta importante molécula biológica, la cual contiene la información para fabricar las proteínas y rige los mecanismos hereditarios y los procesos evolutivos.

El modelo de doble hélice no solo fue indispensable para determinar el mecanismo por el cual se replica el ADN; también dio la pauta para el desarrollo de una nueva era que permitió sentar las bases de la biología molecular moderna; desde entonces se han desarrollado numerosos métodos cuyos protocolos están basados en el estudio del ácido desoxirribonucleico (ADN). La reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), es uno de los métodos más ampliamente utilizados, se basa en el uso de la molécula del ADN para obtener miles de copias de material genético, su desarrollo es atribuido a Kary Mullis en la década de los 80 y su primera aplicación se registró en 1985 (Tamay, Ibarra & Velasquillo, 2013; Ishino & Ishino, 2014).

La culminación de los trabajos de Kary Mullis, tomó como base los hallazgos realizados por otros destacados científicos; el primero de ellos fue el de Har Gobind Khorana, biólogo molecular indio estadounidense, quien demostró que los nucleótidos de los ácidos nucleicos, encargados de llevar el código genético del organismo, controlan la síntesis de proteínas de la célula; trabajo por el cual recibió el Premio Nobel de Fisiología o Medicina en 1968; quien además, en 1972 anunció la construcción del primer gen artificial y logró que este funcionara en una célula viva, acontecimiento que demostró la posibilidad de sintetizar fragmentos cortos de ADN. El segundo gran hallazgo fue el del bioquímico y biólogo molecular, Kjell Klepe, quien utilizó dos cebadores o "primers" (pequeños fragmentos de ADN que sirven como punto de partida para la polimerasa) que le permitieron replicar y amplificar un fragmento de ADN (Kleppe, Ohtsuka, Kleppe, Molineux & Khorana, 1971).

La trascendencia de los trabajos de Mullis consistió en conjuntar y perfeccionar lo demostrado por Har Gobind Khorana y Kjell Klepe, concibiendo una nueva estrategia. Al exponer la molécula de ADN a altas temperaturas, sus dos cadenas complementarias se separaban en dos hebras. Al añadir los ladrillos fundamentales del ADN (nucleótidos), y con la ayuda de la enzima ADN polimerasa, cada cadena servía de molde para generar una cadena complementaria y sintetizar nuevo ADN a partir de la molécula original. Así podía tener millones de copias en muy poco tiempo (Hongbao, Young, Yucui, Yan & Huaijie, 2016).

La versión de la técnica propuesta inicialmente por Mullis, aunque efectiva, era poco eficaz, pues la ADN polimerasa utilizada provenía de la bacteria '*Escherichia coli*'; la cual se degradaba durante la etapa de desnaturalización debido a las altas temperaturas, por lo que se debía añadir más enzima en cada ciclo, perdiendo eficiencia. Esto fue solucionado con el empleo de ADN polimerasas termoestables, extraídas de microorganismos termófilos, como la Taq polimerasa procedente de '*Thermus aquaticus*'.

«La palabra gen fue acuñada en 1909 por el botánico danés Wilhelm Johannsen a partir de una palabra griega que significa 'generar', refiriéndose a la unidad física y funcional de la herencia biológica¹. Forma la base de la herencia (los caracteres que se transmiten de padres a hijos); cada célula viva contiene un complemento total de los genes típicos de la especie².»

¹Todo Diagnóstico (2019)

²Lawrence (2003, p. 278)
(2014, p. 256)



Por esta invención, de gran valor en biotecnología y como herramienta de investigación científica y forense, en 1993 recibió el Premio Japón y el Premio Nobel de Química.

Actualmente, la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es una herramienta tecnológica innovadora, utilizada en diferentes áreas de la biología y de la salud, que utiliza la poderosa enzima ADN polimerasa para replicar una hebra de ADN *in vitro* y producir millones de copias en poco tiempo; de tal manera que partiendo de cantidades pequeñas de ADN se pueden sintetizar un número considerable de copias exactas para analizar con diferentes fines. La PCR se ha convertido en un método rutinario primordial en la mayoría de los laboratorios biológicos para la detección de agentes infecciosos, determinación de cargas virales, estudios de mutaciones y polimorfismos genéticos, entre otros; permitiendo establecer diagnósticos, pronósticos y tratamientos certeros y específicos (Corvalan, 1997; Salazar, Sandoval & Armendáriz, 2013).

Técnicamente ¿qué es la PCR?

La técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es una reacción enzimática relativamente simple, que puede copiar segmentos dirigidos a una secuencia específica del ácido desoxirribonucleico (ADN) hasta mil millones de veces, en un proceso llamado amplificación a través del uso de dos oligonucleótidos sintéticos (cebadores o "*primers*") y una serie de ciclos de temperatura.

Durante cada ciclo de amplificación, la cantidad del ADN objetivo se duplica teóricamente, lo que resulta en un aumento exponencial en la cantidad de ADN. Por lo tanto, 25 ciclos deben resultar en la amplificación por 225; sin embargo, en la práctica sólo se obtiene un aumento de 106 copias de la secuencia objetivo. Esto se debe a que la amplificación está limitada por la cantidad de los reactivos, la presencia de inhibidores o las altas cantidades de ADN que pueden pegarse entre sí y no con los primers.

Los productos de PCR se visualizan típicamente por electroforesis en un gel de agarosa, y el tamaño estimado se compara con los estándares de ADN de tamaño conocido (Marcador de peso molecular o "*ladder*") que se coloca en el mismo gel (Maier, Pepper & Gerba, 2009). De acuerdo con Madigan, Martinko, Dunlap & Clark (2009), la PCR puede resumirse de la siguiente manera:

- 1) Se sintetizan dos oligonucleótidos ("*primers*") que flanquearan el ADN objetivo en un sintetizador de oligonucleótidos y se añaden en exceso al ADN molde ya desnaturalizado por calor.
- 2) A medida que se enfría la muestra, la mayoría de las moléculas de los "*primers*" se unirán al ADN molde, siendo pocas las cadenas molde que se apareen entre sí.
- 3) La ADN polimerasa agregará los nucleótidos en la región indicada por los "*primers*" usando el ADN original como molde.

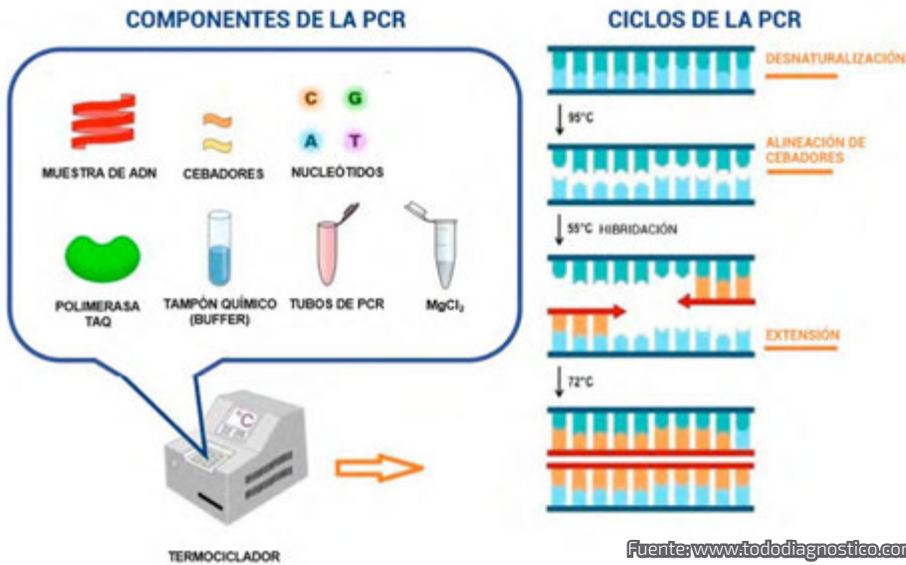


Figura 1. Esquema de los componentes y el funcionamiento de la Reacción en Cadena de la Polimerasa o PCR (Todo Diagnóstico, 2019).

4) Tras un periodo de incubación adecuado, el tubo con la mezcla se calienta de nuevo para separar las cadenas. Después la mezcla se enfría para permitir la hibridación de los "primers" con las regiones complementarias del ADN recién sintetizado, y se repite todo el proceso (figura 1).

La fortaleza de la PCR reside en, que las copias resultantes del primer ciclo, actúan como moldes para el ciclo siguiente, de modo que cada ciclo duplica la cantidad del ADN objetivo original. En la práctica se realizan entre 20 y 30 ciclos, lo que produce un incremento en la secuencia objetivo de entre 106 y 109 copias. Esta técnica fue automatizada con la introducción de los llamados termocicladores, que ejecutan cada ciclo en solo 5 minutos y permiten obtener grandes cantidades de amplificaciones en unas pocas horas (Madigan *et al.*, 2009).

Como cada especie tiene secuencias de ADN únicas, es posible utilizar "primers" de PCR que identifiquen específicamente agentes infecciosos como microorganismos bacterianos, virales, fúngicos y parásitos. Así, la presencia de múltiples microorganismos se puede probar en una muestra clínica y los resultados se pueden obtener generalmente en pocas horas (López-Fabal, Gómez-Garcés, López, & Ruiz, 2018).

A partir de la aparición de la PCR se han desarrollado diferentes variantes de la técnica original, como la PCR en tiempo real, considerada la variante más sofisticada, por utilizar fluorescencia para monitorizar la amplificación del fragmento simultáneamente en lo que se produce la reacción, lo que permite cuantificar la cantidad inicial y final del ADN.

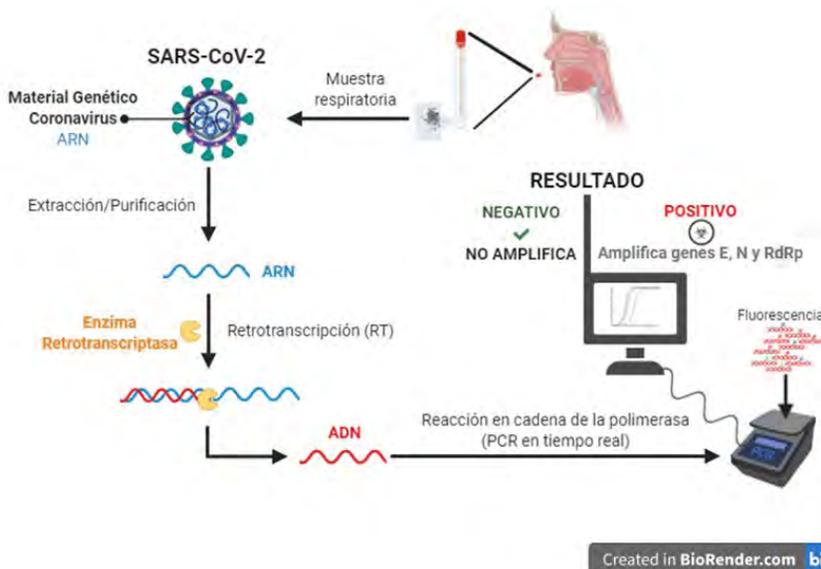
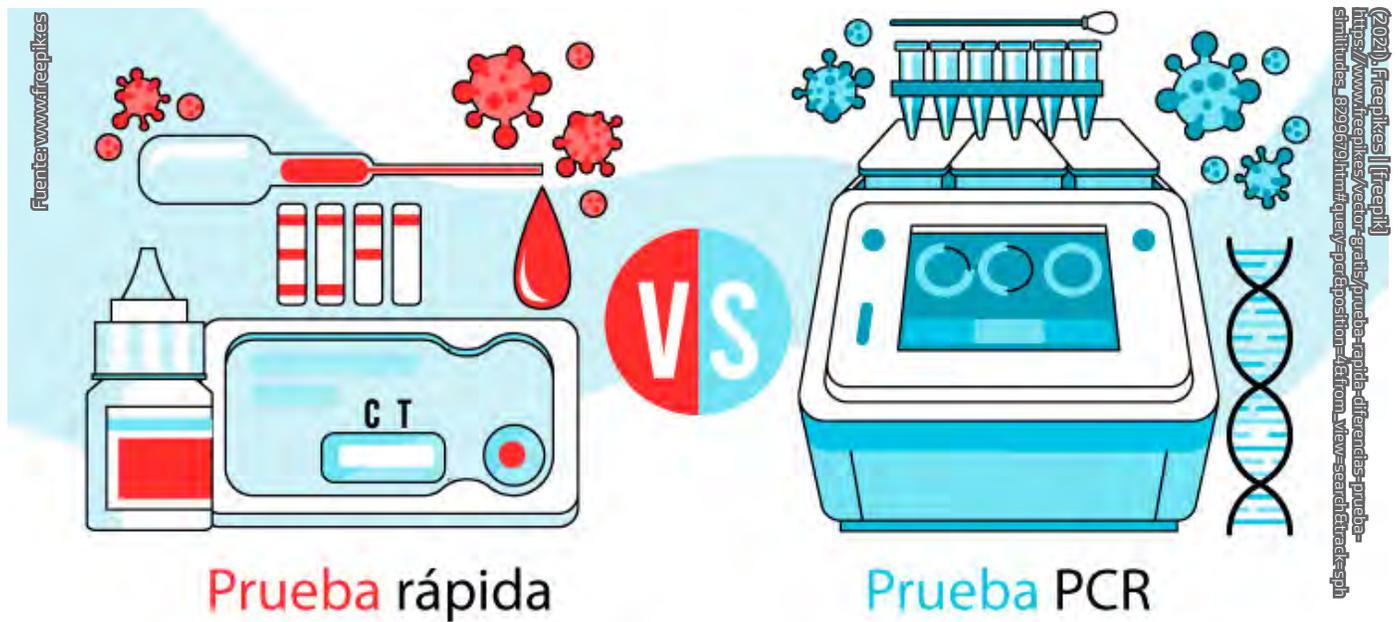


Figura 2. Diagrama resumido de la detección del virus SARS-CoV-2 (Villalobo, 2020). La imagen se generó con licencia académica «BioRender», que prohíbe expresamente el uso comercial de la misma.



(2021). Freepik. https://www.freepik.es/vector-gratis/prueba-rapida-diferencia-prueba-similitudes-8299678.html#query=pcr&position=4&from_view=search&track=aisp

Revista de divulgación científica de la División Académica de Ciencias Biológicas: Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

KUXULKAB'

En la PCR en tiempo real, la medición de datos puede realizarse en cada ciclo, cuando la cantidad del producto de la reacción en cadena de la polimerasa es directamente proporcional a la cantidad de ácido nucleico molde; a diferencia de la prueba convencional donde la detección y la cantidad de producto de PCR acumulado se hace hasta al final de los ciclos (de la prueba).

De esta forma, la PCR en tiempo real es altamente sensible y específica, reduce el tiempo de ejecución de la prueba, no requiere de manipulación posterior y reduce la probabilidad de contaminaciones cruzadas (Perera & Acevedo, 2018). Además, los resultados son presentados en tiempo real en la computadora y la cuantificación es posible gracias a las tecnologías de fluorescencia y detección continua, sin manipulación posterior (Espy citado por Lam, Manchego, Rivera, Sandoval & Ramírez, 2011; Aguilera, Ruiz, Rocha, Pineda & Cháñez, 2014).

El desarrollo de nuevos sistemas automatizados para la purificación de los ácidos nucleicos permite combinarlos con la PCR en tiempo real y brinda la posibilidad de realizar una amplia gama de ensayos moleculares para identificar y cuantificar microorganismos patógenos de interés clínico. La sencillez del método, la rapidez, el menor riesgo de contaminación y su enorme proyección, ha ocasionado que los laboratorios replacen el uso de la reacción en cadena de la polimerasa convencional por la PCR en Tiempo Real en múltiples aplicaciones microbiológicas (Aguilera *et al.*,

2014). Sin embargo, también existen otras variantes, según el objetivo y los requisitos que se tenga; las más habituales son:

✓PCR anidada: variante de la PCR convencional que comprende dos rondas de amplificación con distintos pares de "primers" en cada una, con el fin de incrementar la sensibilidad y la especificidad de la detección.

✓PCR *in situ*: se marca una hebra sencilla de ácido ribonucleico (ARN) o ADN denominada sonda y se permite que se empareje con su secuencia complementaria en el ARN o el ADN presente en una muestra de tejido o de cromosomas. La sonda está marcada con una sustancia trazadora química o radiactiva, por lo que su unión puede ser visualizada.

✓PCR múltiple: lo que se persigue es amplificar simultáneamente en un único tubo distintas secuencias específicas, lo cual necesariamente implica que los reactivos mezclados y el programa utilizado sean suficientes y adecuados para permitir la detección de cada diana y no inhibir la de las demás.

✓RT-PCR: dos procesos: transcripción inversa a partir de ácido ribonucleico (ARN) que sintetiza ADN complementario (ADNc), con el cual se realiza posteriormente la(s) PCR(s) correspondiente(s). De esta forma se pueden amplificar genes que estaban expresados en el momento del estudio (Jiménez, Fuentes, Sabanza, López, Miguel, Ciprian, 2021).

El aprovechamiento de la PCR como herramienta

Actualmente la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es utilizada como una prueba de rutina en diferentes campos del conocimiento por ser una tecnología muy completa, potente y de gran utilidad en la investigación básica y aplicada. Por ejemplo, en el área de la botánica es utilizada para el diagnóstico de patógenos virales en plantas y semillas, como el virus del mosaico del pepino (Sánchez, Villegas-Estrada & Valencia-Jiménez, 2020); en la determinación de relaciones filogenéticas y niveles de variación de aislamientos del '*Potato virus X*' (PVX) en tejidos foliares de plantas de '*Solanum tuberosum*' (García, Gutiérrez & Marín, 2016); y en el análisis de la diversidad genética de las poblaciones de amaranto (Ruiz, Legarúa, Sahagún & De la O, 2018).

En la zoología el uso de la PCR se ha documentado en estudios de variación genética de cerdos domésticos colombianos (Meléndez, Pardo & Cavadía, 2015) y en ecología molecular fue aplicada para la detección de la expresión de genes o de la presencia del ARN mensajero (ARNm) específico y su relación con los impactos de los diferentes componentes físicos y biológicos del ambiente (Falcón & Valera, 2007). Asimismo, la secuenciación por PCR de un fragmento del gen mitocondrial citocromo c oxidasa I (COI) utilizando "*primers*" universales (dirigidos a regiones conservadas evolutivamente) se utiliza como <código de barras> para identificar las diferentes especies de animales como la tortuga cabezona '*Caretta caretta*' (Lancheros-Piliago & Hernández, 2013).

En biología molecular, la PCR permite realizar mutagénesis dirigida mediante la introducción de cambios en los "*primers*" (Zardoya, 2019). Por otra parte, la microbiología como una disciplina con diferentes ramas de estudio, ha reconocido desde la antigüedad a los microorganismos como importantes actores en áreas como la medicina y la salud pública, en ecología y aplicaciones industriales (Arenas, Pereira, Oliveira, Pinto, Lopes, Gomes, Carracedo & Amorim, 2017).

Detección de enfermedades por PCR

En el caso de brotes epidémicos, se ha demostrado la gran valía de las pruebas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la detección rápida de los microorganismos a nivel de género y especie; como el caso de la prueba de reacción en cadena de la polimerasa con transcripción inversa (RT-PCR), que se ha utilizado como herramienta para identificar y rastrear las cadenas de transmisión individual del virus de la Influenza A y la



subtipificación de los virus H1, H3 y virus pandémicos H1N1 2009, permitiendo evaluar la dinámica del virus en el Reino Unido (Baillie, Galiano, Agapow, Myers, Chiam, Gall, Palser, Watson, Hedge, Underwood, Platt, McLean, Pebody, Rambaut, Green, Daniels, Pybus, Kellam & Zambon, 2012). Inclusive, a partir de muestras clínicas y utilizando técnicas moleculares basadas en PCR es posible la cuantificación en etapa temprana de distintas cepas y serotipos del virus del dengue (Santiago, Vergne, Quiles, Cosme, Vazquez, Medina, Medina, Colón, Margolis & Muñoz-Jordán, 2013).

En la actualidad, la variante de la técnica de PCR que utiliza ARN (RT-PCR), se utiliza en todo el mundo para la detección del virus del SARS-CoV-2, causante del síndrome respiratorio agudo en humanos, COVID-19; el cual es responsable de la pandemia más reciente que afecta a la población (Vásquez, Guadrón, Cruz & Cuadra, 2021); en la figura 2 se expresa en resumen la detección del virus SARS-CoV-2:

De la muestra respiratoria se extrae ARN y se purifica; a continuación, el ARN se convierte en ADN de cadena simple mediante retrotranscripción (RT); ese ADN se utiliza en la reacción de PCR en Tiempo real (qPCR) que genera miles de millones de copias de los genes seleccionados. En el proceso se incorpora a cada molécula de ADN un compuesto fluorescente, distinto para cada uno de los tres genes; el equipo llamado termociclador, mide la fluorescencia y manda los datos a un ordenador (computadora); si los niveles de fluorescencia están por encima del umbral predeterminado se evidencia la amplificación del ADN. El resultado es positivo si la fluorescencia medida de los tres genes informadores (e, N y RpRd) está por encima del umbral; es negativo si las fluorescencias están por debajo del umbral (Villalobo, 2020).

Otros diagnósticos clínicos basados en pruebas PCR son la detección de protozoarios causantes de enfermedades como la leishmaniasis (o leishmaniosis) en la que a través de la evaluación del gen que codifica la proteína de choque térmico, 20kDa, es posible la identificación de especies de '*Leishmania*' de diverso origen geográfico, como también su aplicación a la epidemiología molecular en áreas endémicas de este patógeno (Montalvo, Fraga, Rodríguez, Blanco, Llanos-Cuentas, García, Valencia, Muskus, Van der Auwera & Requena, 2014).

Además de esta, existen numerosas enfermedades tropicales donde la detección de parásitos intestinales se basa en esta misma técnica. Ejemplos de esto es la detección de '*Entamoeba histolytica*' y su diferenciación de otras especies del mismo género; de la malaria usando PCR múltiple en situaciones de parasitemia (presencia de parásitos) e infecciones mixtas; para el diagnóstico por kDNA y la secuencia repetida de ADN satélite, ambos protocolos de PCR que detectan a tripanosomas causantes de la enfermedad de Chagas (también llamada tripanosomiasis americana) y tripanosomiasis africana (Martín-Rabadán, Martínez-Ruiz, Cuadros & Cañavate, 2010).

Tradicionalmente la identificación de agentes bacterianos de importancia clínica se realiza a través de técnicas de inmunoensayos, pero los estudios han demostrado que el uso de pruebas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) permite la obtención de resultados en tiempos más cortos que los métodos antigénicos o de cultivo, debido a que algunos patógenos identificados como causantes de neumonías atípicas, entre ellos '*Chlamydia pneumoniae*', '*Mycoplasma pneumoniae*' y '*Legionella sp.*', son bacterias difíciles de aislar en cultivos y con requerimientos especiales para su crecimiento; junto con '*Streptococcus pneumoniae*' y micobacterias (Espy, Uhl, Sloan, Buckwalter, Jones, Vetter, Yao, Wengenack, Rosenblatt, Cockerill III & Smith, 2006).

Por otro lado, la detección temprana de patógenos causante de bacteriemias en humanos, como '*E. coli*', '*Salmonella*' y otras enterobacterias, '*Pseudomonas aureoginosa*', estafilococos, enterococos y '*Acinetobacter baumannii*' se han realizado por PCR múltiple, a través de la cual se consigue detectar de forma simultánea y en un único tubo diferentes secuencias diana con la identificación paralela de distintos genes de interés (Antikainen, Kantele, Pakkanen, Lääveri, Riutta, Vaara & Kirveskari, 2013; Arabestani, Fazzeli & Nasr, 2014).

Ventajas y desventajas del uso de la PCR

La técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) ha tenido un gran impacto sobre muchas áreas de la biología y en el diagnóstico e investigación epidemiológica de las enfermedades infecciosas. La capacidad de este método para amplificar en minutos secuencias de ADN microbiano lo han convertido en una poderosa herramienta molecular (Ranjbar, Karami, Farshad, Giammanco & Mammina, 2014).

El diagnóstico a través de PCR presenta cierto grado de complejidad; requiere personal entrenado y preparado para su correcta realización y su ejecución brinda las siguientes ventajas y desventajas:

Ventajas

- ✓Alta especificidad: puede diferenciar entre dos microorganismos muy cercanos evolutivamente.
- ✓Alta sensibilidad: puede detectar cantidades de 20 copias/ml (incluso menos) de material genético viral.
- ✓Precoz: es capaz de detectar el virus en las primeras fases respiratorias.
- ✓Puede detectar una simple copia de un transcripto específico.
- ✓Puede revelar diferencias de expresión menores al 23 por ciento (%).
- ✓Requiere menos cantidad de ARN.
- ✓Se obtienen resultados en tiempos más cortos comparados con los métodos tradicionales.
- ✓Tiene una gran cantidad de variantes que permiten alcanzar objetivos específicos.

Desventajas

- ✓Requiere equipamiento y reactivos muy costosos.
- ✓Dependiendo del objetivo, una PCR Punto Final podría no ser suficiente, por lo que se requeriría usar variantes más específicas, lo cual conlleva el acompañamiento de otros procesos o de más reactivos.
- ✓Debido a su alta sensibilidad, se necesita un correcto diseño experimental y técnicas de normalización para obtener conclusiones precisas (Gail, 2020).

Conclusión

La técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) ha significado una revolución en el análisis genético, evolutivo y en el diagnóstico clínico molecular.

Desde su aparición, se ha diversificado permitiendo inclusive la cuantificación de virus de ácido ribonucleico (ARN), lo cual fue esencial en el diagnóstico rápido y efectivo del SARS CoV-2.

Por otra parte, el avance tecnológico ha permitido el desarrollo de equipos más eficientes y sofisticados que a la vez con la disminución de costos facilitan la aplicación de las diferentes variantes de la PCR en los procesos rutinarios en laboratorios clínicos y de investigación.

Conociendo el riesgo que suponen las enfermedades emergentes en el presente y en el futuro, y el riesgo que supone para la población humana, contar con la técnica de PCR, seguirá siendo un aspecto importante y primordial para la identificación rápida y certera de patógenos emergentes.

Referencias

Aguilera, P.; Ruiz Tachiquín, M.; Rocha Munive, M.G.; Pineda Olvera, B. & Chánez Cárdenas, M.E. (2014). PCR en tiempo real. En: Cornejo Romero, A.; Serrato Díaz, A.; Rendón Aguilar, B. & Roche Munive, M.G. (Coomp.). *Herramientas moleculares aplicadas en ecología: aspectos teóricos y prácticos* (pp: 175-201). México: Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT); Instituto Nacional de Ecología y Cambio Climático (INECC); Universidad Autónoma Metropolitana-Iztapalapa (UAM-I). ISBN: 978-607-8246-72-4. Recuperado de «[https://www2.congreso.gob.pe/sicr/cendocbib/con4_uibd.nsf/770DBBD5ADF759505257D4900580FE6/\\$FILE/HerramientasMolecularesAplicadasEcologia.pdf](https://www2.congreso.gob.pe/sicr/cendocbib/con4_uibd.nsf/770DBBD5ADF759505257D4900580FE6/$FILE/HerramientasMolecularesAplicadasEcologia.pdf)»

Antikainen, J.; Kantele, A.; Pakkanen, S.H.; Lääveri, T.; Riutta, J.; Vaara, M. & Kirveskari, J. (2013). A quantitative polymerase chain reaction assay for rapid detection of 9 pathogens directly from stools of travelers with diarrhea. *Clinical Gastroenterology and Hepatology*, 11(10): 1300-1307.e3. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.cgh.2013.03.037>»

Arabestani, M.R.; Fazzeli, H. & Nasr Esfahani, B. (2014). Identification of the most common pathogenic bacteria in patients with suspected sepsis by multiplex PCR. *Journal of Infection in Developing Countries*, 8(4): 461-468. DOI «<https://doi.org/10.3855/jidc.3856>»

Arenas, M.; Pereira, F.; Oliveira, M.; Pinto, N.; Lopes, A.M.; Gomes, V.; Carracedo, A. & Amorim, A. (2017). Forensic genetics and genomics: much more than just a human affair. *PLoS genetics*, 13(9): e1006960. DOI «<https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1006960>»

Baillie, G.J.; Galiano, M.; Agapow, P.M.; Myers, R.; Chiam, R.; Gall, A.; Palser, A.L.; Watson, S.J.; Hedge, J.; Underwood, A.; Platt, S.; McLean, E.; Pebody, R.G.; Rambaut, A.; Green, J.; Daniels, R.; Pybus, O.G.; Kellam, P. & Zambon, M. (2012). Evolutionary dynamics of local pandemic H1N1/2009 influenza virus lineages revealed by Whole-genome analysis. *Journal of Virology*, 86(1): 11-18. DOI «<https://doi.org/10.1128/JVI.05347-11>»

Corvalan, A. (1997). Biología molecular: fundamentos y aplicaciones diagnósticas. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 8: 4-9.

Espy, M.J.; Uhl, J.R.; Sloan, L.M.; Buckwalter, S.P.; Jones, M.F.; Vetter, E.A.; Yao, J.D.C.; Wengenack, N.L.; Rosenblatt, J.E.; Cockerill III, F.R. & Smith, T.F. (2006). Real-time PCR in clinical microbiology: applications for routine laboratory testing. *Clinical Microbiology Reviews*, 19(1): 165-256. DOI «<https://doi.org/10.1128/CMR.19.1.165-256.2006>»

Falcón, L.I. & Valera, A. (2007). Quinta parte: Las herramientas moleculares; extracción de ácidos nucleicos (capítulo 16). En: Eguarte, L.E.; Souza, V. & Aguirre, X. (Coomp.); *Ecología molecular* (pp. 497-516). México: Instituto Nacional de Ecología, Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT); Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). ISBN 978-968-817-839-3, 968-817-839-X. Recuperado de «https://www.researchgate.net/profile/Alejandra-Moreno-Letelier/publication/258129643_Ecologia_Molecular/links/0046352715658e2599000000/Ecologia-Molecular.pdf»

Gail, M. (2020, marzo 25). ¿Cómo funcionan y en qué se diferencian las PCR y los test rápidos de coronavirus?. *Gaceta Médica* [Website]. Consultado el 16 de junio del 2021 en «<https://gacetamedica.com/investigacion/como-funcionan-y-en-que-se-diferencian-las-pcr-y-los-test-rapidos-de-coronavirus/>»

García Ruíz, D.; Gutiérrez Sánchez, P. & Marín Montoya, M. (2016). Análisis filogenético y variabilidad molecular del '*Potato virus X*' (PVX) en cultivos de papa de Antioquia. *Acta Biológica Colombiana*, 21(1): 111-122. DOI «<https://doi.org/10.15446/abc.v21n1.51398>»

Hongbao, M.; Young, M.; Yucui, Z.; Yan, Y. & Huaijie, Z. (2016). Introduction of PCR and RT-PCR. *Rep Opinion*, 8(7): 88-110. DOI «<http://www.dx.doi.org/10.7537/marsroj080716.15>»

Ishino, S. & Ishino, Y. (2014). DNA polymerases as useful reagents for biotechnology - the history of developmental research in the field. *Frontiers in Microbiology*, 5: 1-8. DOI «<https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00465>»

Jiménez Moraleda, B.; Fuentes Martín, M.D.; Sabanza Beloso, M.; López Gómez, M.; Miguel Molinos, A.C. & Ciprian Negro, G. (2021, agosto 3). Diagnóstico y tipos de PCR: revisión bibliográfica. *Revista Sanitaria de Investigación* [Website], 2(8): 125. Consultado en «<https://revistasanitariadeinvestigacion.com/diagnostico-y-tipos-de-pcr-revision-bibliografica/>»

Kleppe, K.; Ohtsuka, E.; Kleppe, R.; Molineux, I. & Khorana, H.G. (1971). Studies on polynucleotides: XCVI. Repair replications of short synthetic DNA's as catalyzed by DNA polymerases. *Journal of Molecular Biology*, 56(2): 341-361. DOI «[https://doi.org/10.1016/0022-2836\(71\)90469-4](https://doi.org/10.1016/0022-2836(71)90469-4)»

Lam Chiok C., K.; Manchego S., A.; Rivera G., H.; Sandoval Ch., N. & Ramírez V., M. (2011). Estandarización y validación de la técnica RT-PCR cualitativa en tiempo real para la detección del virus de la peste porcina clásica. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 22(4): 377-387. Recuperado el 16 de octubre del 2021 de «http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1609-91172011000400012&lng=es&tIng=es»

Lancheros-Piliago, D. & Hernández Fernández, J. (2013). AMDAR y PCR-extra-rápida para la identificación de la tortuga cabezona '*Caretta caretta*' (Testudines: Cheloniidae) utilizando el gen mitocondrial citocromo c oxidasa I (COI). *Universitas Scientiarum*, 18(3): 321-330. Recuperado el 19 de octubre del 2021 de «http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0122-74832013000300006&lng=en&tIng=es»

Lawrence, E. (Comp.). (2014). *Diccionario de Biología* (Trad. Henderson's Dictionary of Biology; p. 622). México: Editorial Trillas. ISBN 978-607-17-2057-3.

Lawrence, E. (Edit.). (2003). *Diccionario Akal de Términos Biológicos* (12ª ed.; Henderson's Dictionary of Biological Terms; R. Codes Valcarce & Fco. J. Espino Nuño, Trad.; p. 688). Madrid, España: Ediciones Akal. ISBN 84-460-1582X.

López-Fabal, M.F.; Gómez-Garcés, J.L.; López Lomba, M. & Ruiz Bastián, M. (2018). Valoración de una técnica de PCR-múltiple en el diagnóstico rápido de la bacteriemia. *Revista Española de Quimioterapia*, 31(3): 263-267. Recuperado de «<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6166258/>»

Madigan, M.T.; Martinko, J.M.; Dunlap, P.V. & Clark, D.P. (2009). *Brock: biología de los microorganismos* (12ª ed.; p. 1296). ISBN-10 8478290974, ISBN-13 978-8478290970. Pearson Education.

Maier, R.M.; Pepper, I.L. & Gerba, C.P. (2009). *Environmental Microbiology* (2ª ed.; p. 589). Academic Press is an imprint of Elsevier. ISBN: 978-0-12-370519-8.

Martín-Rabadán, P.; Martínez-Ruiz, R.; Cuadros, J. & Cañavate, C. (2010). El laboratorio de microbiología ante las enfermedades parasitarias importadas. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 28(10): 719-725. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.eimc.2010.03.013>»

Meléndez Gélvez, I.; Pardo Pérez, E. & Cavada Martínez, T.I. (2015). Variación genética en cerdo doméstico ('*Sus scrofa domestica*') de Córdoba-Colombia basada en marcadores microsátélites. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 6(4): 443-452. Recuperado el 19 de octubre del 2021 de «http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-11242015000400443&lng=es&tIng=es»

Montalvo, A.M.; Fraga, J.; Rodríguez, O.; Blanco, O.; Llanos-Cuentas, A.; García, A.L.; Valencia, B.M.; Muskus, C.; Van der Auwera, G. & Requena, J.M. (2014). Detección de '*Leishmania spp.*' en base al gen que codifica la proteína HSP20. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 31(4): 635-643. DOI «<https://doi.org/10.17843/rpmesp.2014.314.112>»

Perera, C.L. & Acevedo, A.M. (2018). Nuevas tendencias en el diagnóstico de enfermedades virales en los animales. *Revista de Salud Animal*, 40(3): e02. Recuperado el 16 de octubre del 2021 de «http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-570X2018000300007&lng=es&tIng=es»

Ranjbar, R.; Karami, A.; Farshad, S.; Giammanco, G.M. & Mamma, C. (2014). Typing methods used in the molecular epidemiology of microbial pathogens: a how-to guide. *The new microbiologica*, 37(1): 1-15. Recovered from «<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24531166/>»

Ruiz Hernández, V.C.; Legaría Solano, J.P.; Sahagún Castellanos, J. & De la O Olan, M. (2018). Variabilidad genética en algunas especies cultivadas y silvestres de amaranto. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 9(2): 405-416. DOI «<https://doi.org/10.29312/remexca.v9i2.1081>»

Salazar Montes, A.M.; Sandoval Rodríguez, A.S. & Armendáriz Borunda, J.S. (2013). *Biología molecular: fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud* (p. 322). México: McGraw-Hill Interamericana Editores S.A. de C.V. ISBN 978-607-15-0912-3.

Sánchez, M.A.; Villegas-Estrada, B. & Valencia-Jiménez, A. (2020). Evaluación de métodos para la inoculación y diagnóstico del virus del mosaico del pepino (CMV). *Bioteología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial*, 19(1): 92-104. DOI «[https://doi.org/10.18684/bsaa\(19\)92-104](https://doi.org/10.18684/bsaa(19)92-104)»

Santiago, G.A.; Vergne, E.; Quiles, Y.; Cosme, J.; Vazquez, J.; Medina, J.F.; Medina, F.; Colón, C.; Margolis, H. & Muñoz-Jordán, J.L. (2013). Analytical and clinical performance of the CDC Real Time RT-PCR assay for detection and typing of dengue virus. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 7(7): e2311. DOI «<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0002311>»

Tamay de Dios, L.; Ibarra, C. & Velasquillo, C. (2013). Fundamentos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. *Investigación en Discapacidad*, 2(2): 70-78. Recuperado de «<https://www.medigraphic.com/pdfs/invdia/ir-2013/ir132d.pdf>»

Todo Diagnóstico. (2019, junio 19). Biología molecular: pasado, presente y futuro. *Todo Diagnóstico - Investigación y compilación* [Website]. Consultado el 10 de enero del 2022 en «<https://www.tododiagnostico.com/diagnostico/historia-de-la-biologia-molecular/>»

Vásquez Rodríguez, E.P.; Guadrón Meléndez, A.A.; Cruz Aguilar, R.J. & Cuadra Zelaya, T.E. (2021). Factores relevantes sobre el ensayo RT-PCR para la detección de SARS-CoV-2, virus causante del COVID-19. *Alerta, Revista Científica del Instituto Nacional de Salud*, 4(1): 31-39. DOI «<https://doi.org/10.5377/alerta.v4i1.10060>»

Villalobo Polo, E. (2020, marzo 24). ¿Cómo se detecta si un paciente está infectado por coronavirus?: diagrama resumido de la detección (ilustración). *The Conversation* [Website]. Consultado en «<https://theconversation.com/como-se-detecta-si-un-paciente-esta-infectado-por-coronavirus-134003>»

Zardoya, R. (2019, marzo). 35 años de la PCR, la técnica que revolucionó la biología molecular. *Boletín de la Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular (SEBBM)*. Recuperado de «<http://hdl.handle.net/10261/248382>»



**ESTUDIANTE DE LA LICENCIATURA EN BIOLOGÍA EN PRÁCTICA DE CAMPO COMO PARTE DE LA ASIGNATURA «ALGAS Y BRIOFITAS»
EN LAS INSTALACIONES DE LA DACBiol.**

División Académica de Ciencias Biológicas (DACBiol); Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT).
Villahermosa, Tabasco; México.

Fotografía: cortesía de Ma. Guadalupe Rivas Acuña.

«La disciplina es no perder de vista lo que se desea alcanzar»

DACBiol

EJEMPLAR DE MACULÍS *Tabebuia roseae* (Bertol.) Bertero ex A.D.C.; UBICADO FRENTE AL EDIFICIO 'C' Y PARTE DE LOS JARDINES DE LA DACBiol.

División Académica de Ciencias Biológicas (DACBiol); Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT).
Villahermosa, Tabasco; México.

Fotografía: cortesía de Marcela Alejandra Cid Martínez



KUXULKAB'

División Académica de Ciencias Biológicas; Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

+52 (993) 358 1500, 354 4308 ext. 6415
✉ kuxulkab@ujat.mx • kuxulkab@outlook.com
🌐 www.revistas.ujat.mx

Carretera Villahermosa-Cárdenas km 0.5, entronque a Bosques de Saloya. C.P. 86039.
Villahermosa, Tabasco. México.

