



UJAT

UNIVERSIDAD JUÁREZ
AUTÓNOMA DE TABASCO

“ESTUDIO EN LA DUDA. ACCIÓN EN LA FE”

ISSN 2448-508X

División Académica de Ciencias Biológicas
« REVISTA DE DIVULGACIÓN CIENTÍFICA »

KUXULKAB'

-Tierra viva o naturaleza en voz Chontal-

—Número especial—

CCXLVI

*Commemoración
del aniversario luctuoso*

**CARL NILSSON
LINNÆUS**



Volumen 30

Número 66

Enero-Abril 2024

M.C.Biól. Marcela Alejandra Cid Martínez

Editora invitada; profesora de la División Académica de Ciencias Biológicas,
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

“Nomina si nescis, perit et cognitio rerum”

Carl v. Linnæus

«Si ignoras el nombre de las cosas, desaparece también lo que sabes de ellas» (1755)*





TRABAJO DE CAMPO: ACADÉMICOS 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

Dr. Luis Manuel Hernández Govea
Secretaría de Servicios Académicos

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

Lic. Alejandro Bastar Cordero
Encargado de despacho de la Secretaría de Servicios Administrativos

Mtro. Miguel Armando Vélez Téllez
Secretario de Finanzas

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

Dr. José Roberto Hernández Barajas
Coordinador de Investigación y Posgrado, DACBioI-UJAT

L.C.P. Luz del Carmen Pulido Novero
Coordinadora Administrativa, DACBioI-UJAT

Dra. María Elena Macías-Valadez Treviño
Coordinadora de Docencia, DACBioI-UJAT

M.I.P.A. Araceli Guadalupe Pérez Gómez
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

Téc. Juan Pablo Quiñonez Rodríguez †

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.

KUXULKAB' se encuentra disponible en su portal electrónico a **texto completo** y en **acceso abierto**, así como en diversas plataformas editoriales, directorios y catálogos de revistas:



Revistas Universitarias

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



Repositorio Institucional UJAT

Plataforma desarrollada con el aval del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT); cuenta con un acervo académico, científico, tecnológico y de innovación de la universidad.



Sistema Regional de Información en Línea para Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

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



PERIÓDICA - Índice de Revistas Latinoamericanas en Ciencias

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



Google académico - Google Scholar

Buscador de Google enfocado y especializado en la búsqueda de contenido y bibliografía científico-académica (artículos, tesis, libros, patentes, etcétera).



BASE - Bielefeld Academic Search Engine

Motor de búsqueda más voluminosos del mundo, especialmente para recursos web académicos; es operado por la biblioteca de la Universidad de Bielefeld (Bielefeld, Alemania).



MIAR - Matriz de Información para el Análisis de Revistas

Matriz con repertorio de revistas y bases de datos de indexación (citas, multidisciplinarias o especializadas), con el propósito de identificar revistas científicas.



fatcat! - Perpetual Access to the Scholarly Record

Catálogo de publicaciones de investigación que incluye artículos de revistas, actas de congresos y conjuntos de datos.



OAJI - Open Academic Journals Index

Base de datos internacional para indexar revistas científicas de acceso abierto; es manejada por la Universidad Global de Cherkas (United States of America).



Nuestra portada:

Número especial «CXCLVI Conmemoración del aniversario luctuoso de Carl Nilsson Linnæus».

Diseño de:

Fernando Rodríguez Quevedo & Marcela Alejandra Cid Martínez (DACBioI-UJAT).

Fotografías de:

Imágenes alusiva al número especial, retrato Carlos Linneo realizado por Alexander Roslin en 1775 (Brober, 2006; Uppsala Universitet, 2023).

KUXULKAB', año 30, No. 66, enero-abril 2024; 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: 14 de enero de 2024.

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:

Este número de **Kuxulkab'** es producto de la colaboración de profesores quienes, en su quehacer diario, demuestran la utilidad del sistema de clasificación de Linneo en la taxonomía actual. Por ello, este producto editorial tiene como objetivo fomentar desde la divulgación científica la importancia de la clasificación taxonómica como una herramienta inconmensurable para estudiar la biodiversidad del planeta.

A continuación, proporcionamos una breve sinopsis de las aportaciones que conforman esta publicación:

«**Vida y obra de Carlos Linneo**»; documento que sintetiza la vida personal de Linneo, desde sus estudios en medicina, su interés en la botánica, y su creencia religiosa reflejada en sus obras científicas escritas a lo largo de su vida; finalmente el destino de su vasta colección de plantas, animales y rocas, que culmina con la creación de la Sociedad Científica Linneana que se ha mantenido hasta nuestros tiempos.

«**Linneo y su aportación a la taxonomía bacteriana**»; contribución que demuestra los intentos de Linneo en clasificar a las bacterias, quien las posicionó como eucariotas, pero el desarrollo del microscopio y el perfeccionamiento de sus lentes permitió describir con más detalle su tamaño, estructura y morfología; hechos de gran valía para reconocer a las bacterias como células procariontes.

«**"Systema naturae" en el reino vegetal del siglo XXI: ¿qué se ha descubierto en México?**»; escrito que demuestra la importancia de tal publicación y en la que colocó nombre y apellido a los seres vivos. Su aportación a la botánica en México (por la Real Expedición Botánica), fue el recolectar información del uso medicinal de las plantas además de la clasificación sistemática de las mismas.

«**¿Por qué clasificar?: taxonomía Folk como ejemplo de los inicios**»; escrito donde se expone la finalidad de la clasificación biológica, iniciando del conocimiento popular (culturas) hasta el que esta fundamentada en criterios morfológicos y reproductivos.

En el aniversario luctuoso de Carlos Linneo, los autores quisieron honrar la memoria de quien fuera el botánico que clasificó a más de cinco mil especies en el planeta; un ser humano con una devoción sin precedentes entre la religión y las plantas, se vio reflejada en sus múltiples obras científicas; su mayor aportación fue haber nombrado con tan solo dos palabras a las especies, en una época donde se empleaban hasta 10 palabras para ello.

Agradecemos a cada uno de quienes colaboraron con su apoyo y entusiasmo en la producción de este número especial, permitiendo la divulgación de la ciencia con estándares de calidad emanados por esta casa de estudios. Esperamos vernos pronto.

Marcela Alejandra Cid Martínez

EDITORA INVITADA, PROFESORA-
INVESTIGADORA DE LA DACBIOL

Fernando Rodríguez Queredo

EDITOR EJECUTIVO Y ENCARGADO DEL
DESPACHO DE KUXULKAB'

Arturo Garrido Mora

DIRECTOR DE LA DACBIOL-UJAT

Contenido

VIDA Y OBRA DE CARLOS LINNEO

05–13

LIFE AND WORK OF CARLOS LINNAEUS

Marcela Alejandra Cid Martínez

LINNEO Y SU APORTACIÓN A LA TAXONOMÍA BACTERIANA

15–25

LINNAEUS AND HIS CONTRIBUTION TO BACTERIAL TAXONOMY

Rosa Martha Padrón López, Lucero Vázquez Cruz, Julia María Lesher Gordillo & Abril Sánchez Ordoñez

Systema naturae EN EL REINO VEGETAL DEL SIGLO XXI: ¿QUÉ SE HA DESCUBIERTO EN MÉXICO?

27–35

Systema naturae IN THE PLANT KINGDOM OF THE 21ST CENTURY: WHAT HAS BEEN
DISCOVERED IN MEXICO?

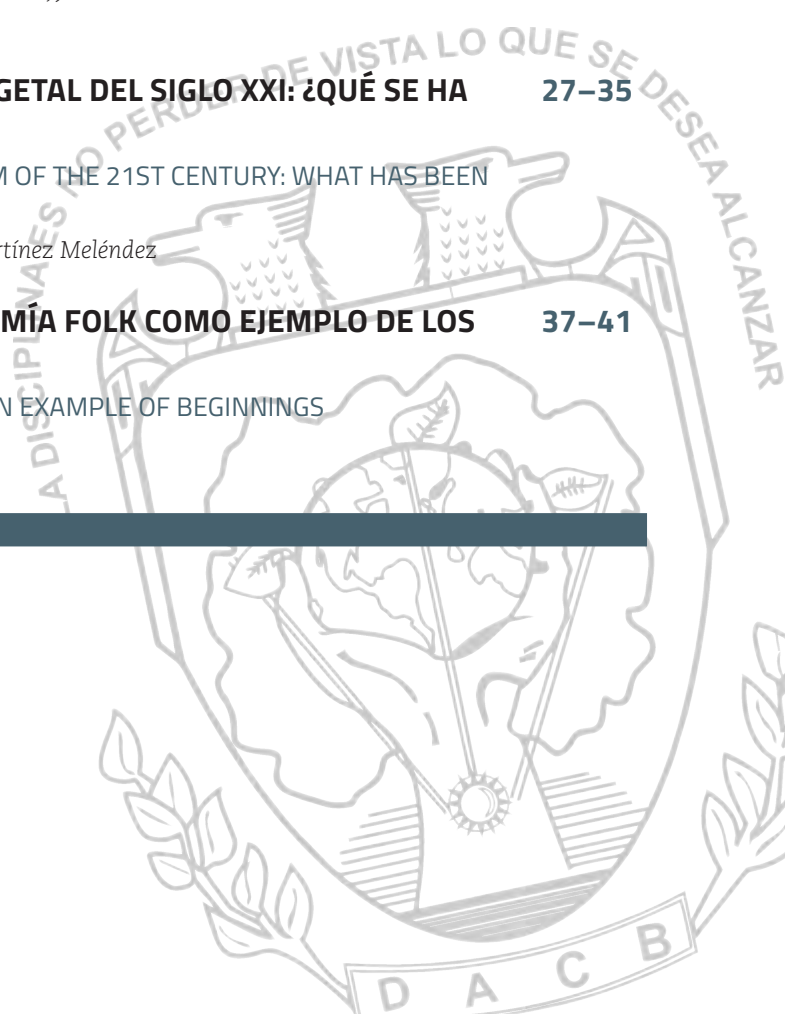
José Guadalupe Chan Quijano & Nayely Martínez Meléndez

¿POR QUÉ CLASIFICAR?: TAXONOMÍA FOLK COMO EJEMPLO DE LOS INICIOS

37–41

WHY CLASSIFY?: FOLK TAXONOMY AS AN EXAMPLE OF BEGINNINGS

Lilia María Gama Campillo





LINNEO Y SU APORTACIÓN A LA TAXONOMÍA BACTERIANA

LINNAEUS AND HIS CONTRIBUTION TO BACTERIAL TAXONOMY

Rosa Martha Padrón López^{1✉}, Lucero Vázquez Cruz², Julia María Leshner Gordillo³ & Abril Sánchez Ordoñez⁴

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 (DACBiología-UJAT). ²Bióloga y Maestra en Ciencias Ambientales por la DACBiología-UJAT. Colaboradora en el Laboratorio de Microbiología (CICART). Profesora-investigadora de la DACBiología-UJAT. 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» en la DACBiología-UJAT. ⁴Estudiante de la Licenciatura en Biología (DACBiología-UJAT).

Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de Recursos Tropicales (CICART), División Académica de Ciencias Biológicas (DACBiología); Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT): Carretera Villahermosa-Cárdenas km 0.5, entronque a Bosques de Saloya; C.P. 86039; Villahermosa, Tabasco; México.

✉ padronlopez@hotmail.com

¹ 0000-0001-7242-7247 ² 0000-0002-2512-9842
 ³ 0000-0001-6973-2304 ⁴ 0009-0006-6460-2897

Como referenciar:

Padrón López, R.M.; Vázquez Cruz, L.; Leshner Gordillo, J.M. & Sánchez Ordoñez, A. (2024). Linneo y su aportación a la taxonomía bacteriana. *Kuxulkab'*, 30(66): 15-25, enero-abril. <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a30n66.5973>

Disponible en:

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

DOI: <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a30n66.5973>

Resumen

La taxonomía microbiana ha planteado cambios importantes en el transcurso del tiempo desde el descubrimiento del microscopio, que dio pauta a las observaciones de los microorganismos, llamados animalculos. En los primeros intentos de clasificar a las bacterias, bajo el sistema propuesto por Carl Nilsson Linnaeus, estas fueron consideradas como organismos eucariotas. El desarrollo del microscopio y el perfeccionamiento de sus lentes permitió describir con más detalle su tamaño, estructura y morfología; hechos de gran valía para reconocer a las bacterias como células procariontes. En los últimos años, la taxonomía bacteriana se realiza con un enfoque polifásico en la cual se utilizan los métodos convencionales o clásicos, además de herramientas moleculares como el uso de genes ribosomales o genes específicos, herramientas bioinformáticas y bases de datos moleculares que en conjunto permiten la identificación de bacterias.

Palabras clave: Microorganismos; Animalculos; Clasificación; Genotipo.

Abstract

Microbial taxonomy has undergone important changes over the course of time since the discovery of the microscope, which led to the observations of microorganisms, called animalcules. In the first attempts to classify bacteria, under the system proposed by Carl Nilsson Linnaeus, they were considered as eukaryotic organisms. The development of the microscope and the improvement of its lenses made it possible to describe, in greater detail, their size, structure and morphology; facts of great value in recognizing bacteria as prokaryotic cells. In recent years, bacterial taxonomy is performed with a polyphasic approach in which conventional or classical methods are used, in addition, to molecular tools such as the use of ribosomal genes or specific genes, bioinformatics tools and molecular databases that together allow the identification of bacteria.

Keywords: Microorganisms; Animalcules; Classification; Genotype.

Las bacterias son microorganismos cuya existencia se remonta a 3,500 millones de años. Sin embargo, su presencia fue notada hasta finales de la edad media, cuando ilustrados de esa época planteaban que las secreciones corporales contenían cuerpos extraños que producían infecciones en las personas enfermas. Las primeras observaciones de estos microorganismos fueron realizadas por Anton van Leeuwenhoek en 1676, a los que por su movimiento y tamaño les llamó «animalículos» (Osorio Abarzúa, 2020), aportación de gran importancia para la comunidad científica en esos años, quienes empezaron a relacionar a las enfermedades contagiosas con los animalículos de Leeuwenhoek.

No fue hasta el año de 1828 cuando el naturalista y microscopista alemán Christian Goottriefed Ehrenberg, asigna a estos minúsculos organismos el nombre de «bacterias o bacterion», palabra que deriva del griego y significa bastón pequeño. A partir de estos hallazgos, el estudio de las bacterias se intensificó para contrarrestar su patogenicidad, descubriendo una gran diversidad y la necesidad de una adecuada clasificación de ellas. Este proceso de dar un nombre y clasificarlas, como parte de los organismos vivos, surgió por primera vez, como estructuras formales, en el siglo XVIII cuando Carl Linnaeus, definió los principios de la taxonomía biológica moderna. Linnaeus desarrolló el sistema de clasificación binario de los seres vivos, aún vigente y por el cual se le llama el *padre de la taxonomía*. Este sistema asignaba por primera vez los nombres científicos compuestos por dos palabras, la primera de ellas en latín. Este modelo se desarrolló con base en el sistema reproductor de las plantas y características externas de los ejemplares estudiados, lo que le permitió agruparlos en categorías definidas como *especie, género, familia, orden, clase, rama y reino* (Ramírez, 2007).

Además, clasificó a los organismos vivos en tres grandes reinos de la naturaleza: *animal, vegetal y mineral*, en esta clasificación Linnaeus incluye formalmente a los infusorios o animalículos a la clase de los *Vermes o gusanos*, dentro del reino *Animalia*; es decir las bacterias eran incluidas por primera vez en un sistema de clasificación biológica. Más tarde, consideró incorporarlos al orden *Zophita* donde creó un nuevo género denominado *Chaos* que incluía a seis variedades o subespecies de pequeños animalitos invisibles al ojo humano (animalículos/ácaros/insectos): '*Febrium Exanthematicarum contagium*', '*Febrium Exacerbantium causa*', '*Siphilitidis virus humidum*', '*Fermenti Putredinisque septicum Münchhausen*', '*Spermatici vermiculi*' Leeuwenhoek y '*Aethereus nimbus mense florescentiae suspensus*'; causantes de fiebres, sífilis y septicemia (Osorio-Arbazúa, 2021).

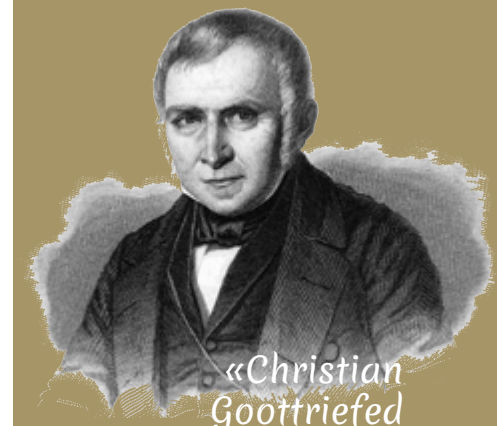
Taxonomía microbiana

Los modelos de clasificación de los organismos vivos han cambiado a lo largo de la historia y el modelo de los tres reinos, propuesto en su origen por Carl Linnaeus, también fue modificado luego de contar con evidencia sólida de la existencia de los microorganismos. A mediados del siglo XIX se reconocían solo dos reinos: *animal* y *vegetal*; y en 1866 Ernst Haeckel creó un tercer reino llamado *protistas*; en el cual incluía aquellos microorganismos y bacterias que no cumplían las características para ser clasificadas en el reino de las plantas o de los animales (figura 1), (Dayrat, 2003; Hossfeld & Levit, 2016).



«Anton van Leeuwenhoek (1632-1723); comerciante holandés que a finales del siglo XVII descubrió la vida microscópica»

(Ventana al Conocimiento, 2018).



«Christian Goottriefed Ehrenberg (1795-1876); naturalista, zoólogo, anatomista, geólogo y microscopista alemán; la 'Colección Ehrenberg' se compone de 40,000 preparados microscópicos; 5,000 muestras; 3,000 diseños a tinta y a lápiz...»

(LUMITOS AG, s/f).

Para 1938, Hebert F. Copeland reconoció las diferencias entre células con núcleos y sin núcleos y establece un cuarto reino: *monera*; este incluía a las bacterias y algas verde azules excluyéndolas del reino protista, donde Haeckel las había ubicado anteriormente. Este esquema también fue modificado y remplazado después de muchas propuestas y años, por el sistema de los cinco reinos, del biólogo Robert Whittaker en 1969.

Esta nueva propuesta fue planteada con un mejor reflejo de las relaciones evolutivas los organismos vivos, lo que permitió clasificar a los organismos en cinco reinos: *Monera*, *Protista*, *Fungi*, *Plantae* y *Animalia*. Whittaker baso esta relación en la estructura celular, la forma de nutrición, la reproducción y la relación con el medio ambiente de cada grupo (figura 2), (Romero, 2007). En particular, bajo el modelo de los cinco reinos, las bacterias y cianobacterias se ubicaron en el reino monera por ser los organismos más simples unicelulares, carentes de núcleo definido, de tamaño entre 1 y 10 micras, su tipo de nutrición y ser los entes más antiguos.

No fue sino hasta la década de los setenta, con el desarrollo de nuevos métodos moleculares que, Carl Whose propuso un modelo basado en el análisis molecular del ácido ribonucleico ribosomal (ARN r), esto con una visión inmensa de las relaciones y orígenes de los procariotas que no fue posible utilizando métodos tradicionales de clasificación. En esta propuesta, se estableció un sistema formal de organismos en el que por encima del nivel del reino existe un nuevo taxón llamado «dominio». De esta manera, Whose agrupo la vida de este planeta en tres dominios: *bacterias*, *arqueas* y *eucarya*; cada uno con dos o más reinos (figura 3) (Woese, Kandler & Wheelis, 1990).

Comienzo de la taxonomía bacteriana

La visión o la perspectiva de los microorganismos ha cambiado en los últimos años, anteriormente eran enemigos invisibles y se tenía una visión negativa, como agentes patógenos, causantes de enfermedades. Actualmente, se reconoce a estos como agentes importantes en procesos químicos y biológicos como los ciclos biogeoquímicos y, por ejemplo, su uso papel destacado en la industria y en la biorremediación. De tal manera que hoy podemos encontrar el «Museo Micropia» (Museo de los microorganismos) en Ámsterdam y el «Museo Americano de Historia Natural (AMNH)» de Nueva York, ambos se enfocaron en investigaciones de diversidad microbiana por métodos moleculares (Grote, 2018).



Figura 1. Esquema de los tres reinos elaborado a partir del modelo de Ernst Haeckel (1866). (UNAM, 2019)

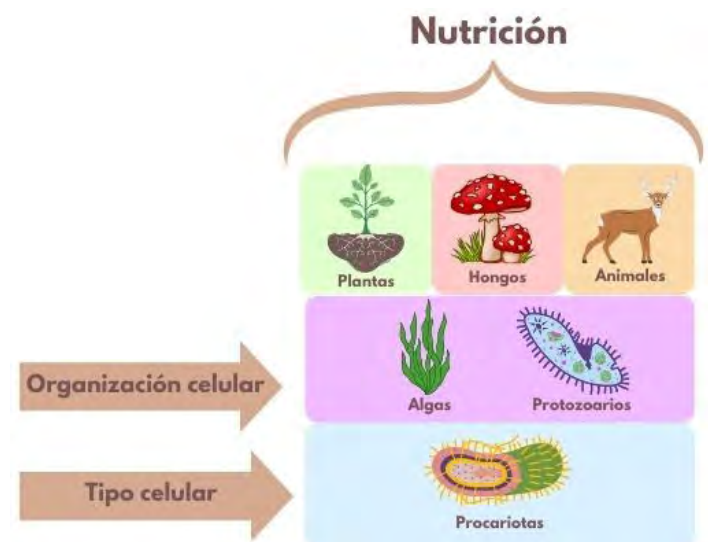


Figura 2. Modelo elaborado a partir del esquema de los cinco reinos de Whittaker de 1969 (Arana & Bianco, 2015).

Uno de los investigadores involucrados en la taxonomía fue Friedrich Müller, en 1773 publicó «Gusanos terrestres fluviales» ("*Vermium terrestrium et fluviatilium*"); donde describió al género *Monas* derivado de la palabra griega monaV o monad (unidad) como: *vermis inconspicuus*, *simplicissimus*, *pellucidus*, *punctiformis* (gusanos inconspicuos, simplísimos, transparentes y puntiformes). Sin embargo, probablemente no solo clasificó bacterias, si no pequeños eucariontes, esto debido a que aún no contaban con técnicas microscópicas avanzadas. Pero sus investigaciones permitieron ubicar una nueva clase *Vermes* o gusanos, que se encontraban en el reino *Animalia*, siguiendo el camino trazado por Linnaeus (Osorio, 2017).

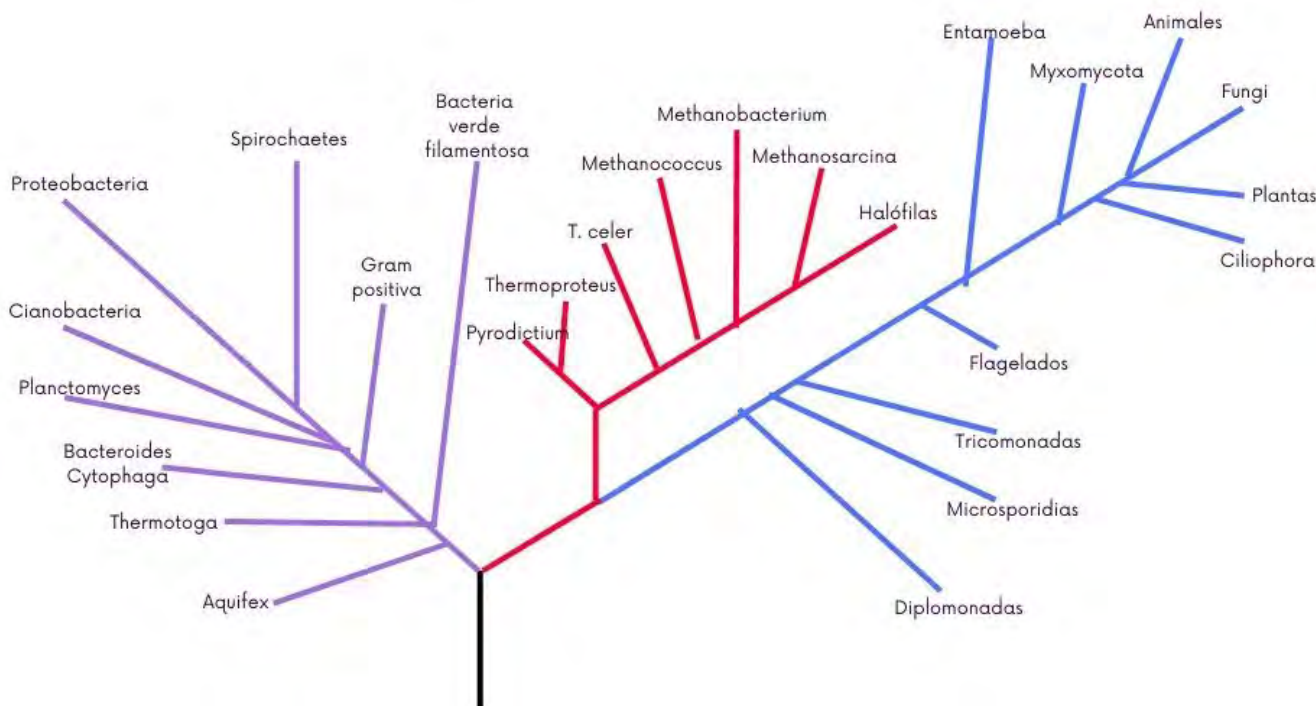
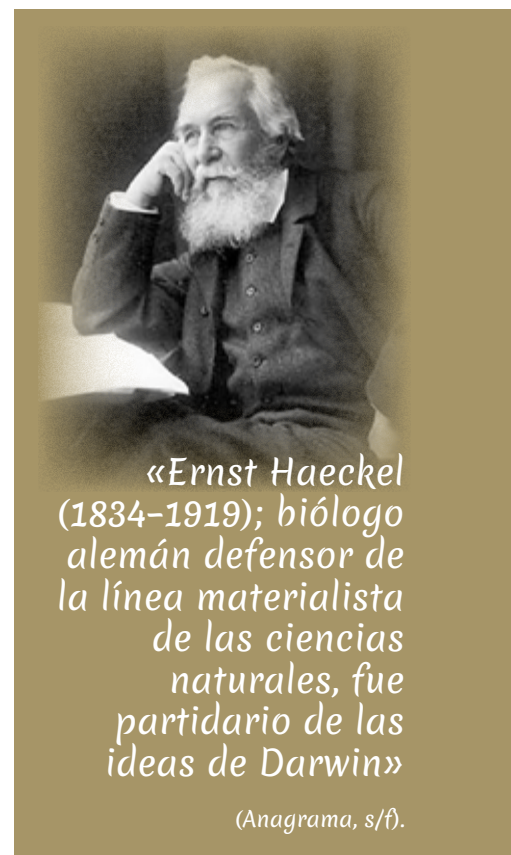


Figura 3. Esquema de los tres dominios basado en el modelo de Woese en 1977, (López-Goñi, 2013).

Las obras públicas de Müller comenzaron a aclararse con Ferdinand Cohn, aportando los inicios de la clasificación de bacterias con base en su morfología, principalmente, en seis géneros que anteriormente eran miembros de las plantas; con microscopios de mejor resolución, lentes acromáticas combinando lentes de diferentes índices de refracción (Schleifer, 2009).

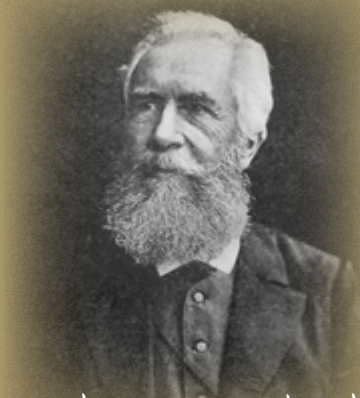
En 1978 Ferdinand Cohn y Robert Koch, quienes trabajaban en el Instituto de Microbiología y Biología Celular, probaron objetivos, condensador, lentes de con una resolución máxima de 0.2 micra (μm) en conjunto con aceite de inmersión, para mejorar la visualización de las imágenes. Es a Robert Koch (1843–1910) a quien se le atribuye como el primero en documentar a las bacterias, al aplicar y mejorar los métodos de tinción desarrollados por Ferdinand Cohn, quién estaba enfocado principalmente en el estudio de microorganismo y plantas inferiores (Drews, 2000).

En realidad, muchas de las bacterias patógenas conocidas hoy en día se describieron entre 1880 y 1900. En ese momento, además de la morfología, los requisitos de crecimiento y el potencial patógeno eran los principales marcadores taxonómicos (Schleifer, 2009). De hecho, el esquema taxonómico jerarquizado, así como la nomenclatura utilizada en ese tiempo, se adoptó a partir de lo establecido por Linnaeus para las plantas y posteriormente para animales, lo que continúa vigente hasta nuestros días. Sin embargo, las primeras clasificaciones aplicadas a las bacterias resultaron ser no muy precisas, como consecuencia de su tamaño y a la poca información que se obtenía a partir de la observación de una sola célula.



«Ernst Haeckel (1834–1919); biólogo alemán defensor de la línea materialista de las ciencias naturales, fue partidario de las ideas de Darwin»

(Anagrama, s/f).



«Hebert F. Copeland (1902-1968); biólogo estadounidense; separa a los protistas nucleados de las bacterias (anucleadas) y crea el reino Monera»

(Calcáneo & de la Cueva, 2021).



«Robert Harding Whittaker (1920-1980); ecólogo vegetal, botánico estadounidense; su aportación fue la propuesta de clasificación en cinco reinos»

(*Biología* 13/14, 2012).

Fue necesario el mejoramiento de técnicas genéticas y bioquímicas para poder comprender que, para clasificar una nueva especie, era necesario realizar estudios entre poblaciones para discernir entre distintas especies (Roselló-Mora, 2005).

La taxonomía bacteriana asigna una clasificación biológica, agrupando a los organismos según sus similitudes, en base a su morfología, fisiología, bioquímica, ecología y genética. Según Schleifer (2009), menciona que no existe una clasificación oficial para bacterias, que se confunde al «Manual de Bacteriología Sistemática de Bergey» como una taxonomía oficial, pero no es así. Sin embargo, este manual desde 1923 es uno de los libros de referencia ampliamente citado o utilizado por los microbiólogos para caracterizar, identificar, clasificar y asignar la nomenclatura a una bacteria; esto por incluir todas las especies de bacterias conocidas al momento de su publicación, enfatizando en sus características fenotípicas y, en la edición más reciente el análisis filogenético basado en la secuenciación del ácido ribonucleico ribosomal (ARNr), del ácido desoxirribonucleico (ADN) y de proteínas.

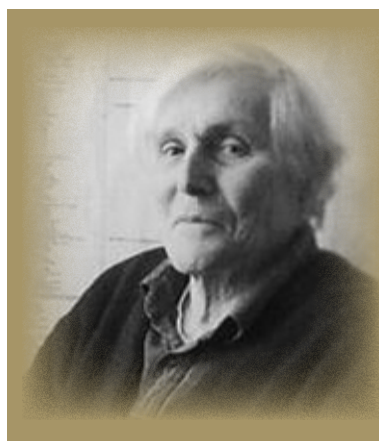
Además, a pesar de que partir de 1947 la nomenclatura procariota está regulada por el «Código Internacional de Nomenclatura Bacteriológica», no ha existido un sistema oficialmente reconocido para la caracterización y clasificación de los procariontes. Por consiguiente, el sistema de clasificación más utilizado es de tipo polifásico, también utilizado en el «Manual de Bacteriología Sistemática de Bergey».

La taxonomía bacteriana convencional se ha basado, y se sigue basando, en la taxonomía clásica y tradicional de sus caracteres fenotípicos como morfología, aspecto en los medios de cultivo, propiedades fisiológicas, propiedades bioquímicas, degradación de macromoléculas, tipos de enzimas respiratorias, necesidades nutricionales, características químico-taxonomías, inhibición por diversas sustancias, reacción frente anticuerpos, patogenicidad, relaciones simbióticas, características inmunológicas, tolerancia a condiciones ambientales, hábitat de origen, (Gobernado & López-Hontangas, 2003). Existen otros métodos como la taxonomía numérica, la quimiotaxonomía y la taxonomía basada en estudios moleculares (Paul, Dixit, Murali & Satyamoorthy, 2019) que ha robustecido los estudios taxonómicos en este grupo de microorganismos.

Taxonomía numérica

La taxonomía numérica es un método que también es utilizado para clasificar a las bacterias con base en sus similitudes generales que comprende los caracteres morfológicos o cualidades observables, sin tener en cuenta su filogenia.

La taxonomía numérica mejoró la identificación fenotípica aumentando el número de pruebas utilizadas y calculando los coeficientes de similitudes fenéticas entre cepas y especies. Los objetos de estudio son llamados «Unidades taxonómicas operacionales» (OTU) y pueden ser especies, géneros o cualquier otra categoría taxonómica. Los caracteres medidos tienen el mismo peso y deben proceder las diferentes categorías (morfología, fisiología, bioquímica, etcétera).



«Carl Richard Woese (1928-2012); creador de la nueva taxonomía molecular, la llamada secuencia del ARN ribosomal»

(UDEEC, 2016).



«Otto Friedrich Müller (1730-1784); naturalista danés que estableció la clasificación de grupos de animales desconocidos por Linneo»

(Animalandia, s/f).

El número de características comunes se considera una medida cuantitativa de la relación taxonómica, aunque esto no significa que los organismos también estén relacionados filogenéticamente (Schleifer, 2009).

La quimiotaxonomía

La composición química de los constituyentes celulares es una propiedad útil para mejorar la clasificación e identificación de los procariotas.

Los quimiotaxonómicos la utilizan ampliamente, en particular en grupos de procariotas en los que los caracteres morfológicos y fisiológicos han fallado en gran medida o no han sido suficientes para proporcionar una clasificación satisfactoria. Algunas de los componentes celulares medidos son composición de las bases del ácido desoxirribonucleico (ADN), presencia de quinonas isoprenoides, citocromos bacterianos y peptidoglicano (Schleifer, 2009).

Género y especies

La clasificación de las bacterias sigue el sistema binomial de nomenclatura por lo que, a estas se les asigna un nombre de género y otro de especie.

El género bacteriano es definido por el «Manual de Bacteriología Sistemática de Bergey» como *un grupo bien definido que está claramente separado de otros géneros*. Gest (1999) menciona que:

–Las especies bacterianas son el grupo de cepas que comparten muchas características en común y difieren considerablemente de otras. Una cepa de una especie se designa como cepa tipo; esta sirve como la cepa portadora

del nombre de la especie y es el ejemplo permanente de la especie, es decir, el espécimen de referencia para el nombre. La cepa tipo tiene gran importancia para la clasificación a nivel de especie, porque una especie consiste en la cepa tipo y todas las demás cepas que se consideran lo suficientemente similares a ella como para justificar su inclusión en la especie...

Taxonomía por medios genotípicos

En años más recientes el desarrollo y aplicación de métodos basados en estudios del genoma bacteriano, específicamente las técnicas de secuenciación del ácido desoxirribonucleico (ADN) significan una herramienta muy importante al momento de clasificar y evaluar la posición filogenética de un grupo de cepas, proporcionando pistas valiosas para su identificación (Paul *et al.*, 2019).

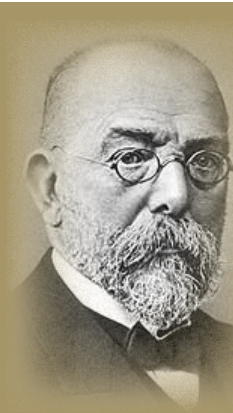
La secuenciación del primer genoma bacteriano (Fleischmann, Adams, White, Clayton, Kirkness, Kerlavage, Bult, Tomb, Dougherty, Merrick, McKenney, Sutton, FitzHugh, Fields, Gocayne, Scott, Shirley, Liu, Glodek, Kelley, Weidman, Phillips, Spriggs, Hedblom, Cotton, Utterback, Hanna, Nguyen, Saudek, Brandon, Fine, Fritchman, Fuhrmann, Geoghagen, Gnehm, McDonald, Small, Fraser, Smith & Venter, 1995) brindó sustento a la taxonomía microbiana al dar acceso a todo el repertorio genético de una cepa.

Ahora es posible generar secuencias genómicas procariotas completas en un período de tiempo muy corto, lo que ofrece la posibilidad de utilizar la secuencia genómica completa de un procariota para su descripción taxonómica (Sentausa & Fournier, 2013). El "*National Center for Biotechnology Information (NCBI)*", cuenta con alrededor de 91,787,650 secuencias de nucleótidos de especies bacterianas con nombres válidamente publicados en el "*National Library of*



«Ferdinand Julius Cohn (1828-1898); reconocido como el descubridor de la bacteriología colaboró con el médico alemán Robert Koch»

(Buscabiografías, s/f_a).



«Robert Koch (1843-1910); demostró que el carbunco infeccioso solo se desarrolla en ratones inoculados en laboratorio»

(Buscabiografías, s/f_b).

Medicine (NLM)', (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore>). El desarrollo de la biología molecular, en especial los métodos de secuenciación del ADN, ha permitido identificar con alta resolución nuevas especies, lo que sería complejo lograr con los métodos de la taxonomía convencional, aunque deberían ir de la mano con los procesos moleculares.

Algunos de los genes universales utilizados para la identificación son los genes ribosomales como «ARNr 16S», «RNAr (5S-16S-23S)», «ADN girasa (gyrA y gyrB)», «ARN polimerasa: rpoA, rpoB, rpoC o rpoD» (Paul *et al.*, 2019; Carrasco, Millas, Santelices & Castro, 2020), o pueden usarse alguna proteína específica, por ejemplo: el gen bcla de '*Bacillus anthracis*' que codifica una glicoproteína inmunodominante, que forma parte de la estructura de los filamentos del exosporio de la espora o un factor de virulencia de la toxina codificado en el plásmido pXO1 que produce esta bacteria (Pavan, Pettinari, Cairó, Pavan & Cataldi, 2011); la proteína cristalina (Cry), codificada en la toxina de las esporas del género *Bacillus* (cytK1/2, ces, hlyII, nheA/B/C y hblA/C/D) muchos autores han utilizado estos elementos para establecer identidad y otras características (Cortés-López, Ordóñez-Baquera & Domínguez-Viveros, 2020; Bonis, Felten, Pairaud, Dijoux, Maladen, Mallet, Radomski, Duboisset, Arar, Sarda, Vial, Mistou, Firmesse, Hennekinne & Herbin, 2021).

Los genes ribosomales, permiten establecer una clasificación taxonómica más precisa o relaciones filogenéticas entre procariotas; son genes altamente conservados y evolutivamente estables. Algunas especies contienen de 1 a 15 copias en el operón de ARN ribosomal. Los genes 16S-23S-5S (figura 4), están organizados en grupos de genes unidos entre sí por regiones espaciadoras internas

(ITS), que contienen ácido ribonucleico de transferencia (ARNt) y otras regiones conservadas. Este grupo se expresa en un operón y moléculas de ARN individuales transcritas en tres ARNasas (ARNr y ARNt). Esta región también puede utilizarse para identificar hongos 8S-5.8 y 28S ribosomal (Rodicio & Mendoza, 2004; Espejo & Plaza, 2018).

El ARN ribosómico (ARNr) 16S es un polirribonucleótido de aproximadamente 1,542 pares de bases (pb), también denominado «ADN ribosomal 16S (ADNr 16S)» pero la Sociedad Americana de Microbiología ("*American Society for Microbiology, ASM*") ha decidido llamarla «ARNr»; esta macromolécula permite establecer relaciones filogenéticas y taxonomía en bacterias o archaeas.

Es una herramienta importante al momento de establecer relaciones filogenéticas entre bacterias e identificar en diferentes fuentes (muestras ambientales o clínicas), sin la necesidad de optar por los medios de cultivos. Una de las principales estrategias es el manejo de programas bioinformáticos y base de datos al momento de leer las secuencias obtenidas (Mignard & Flandrois, 2006; Valenzuela-González, Casillas-Hernández, Villalpando & Vargas-Albores, 2015).

El ARNr se encuentra presente en todas las bacterias actuales, es altamente conservada y constante, es de gran utilidad para realizar comparaciones (Rodicio & Mendoza, 2004). Este gen presenta nueve regiones variables (figura 5), altamente conservadas de fácil estudio, ya que podemos utilizar técnicas moleculares como la «Reacción en Cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés)» y actualmente existen diversas bases de datos (Gutiérrez, 2021).

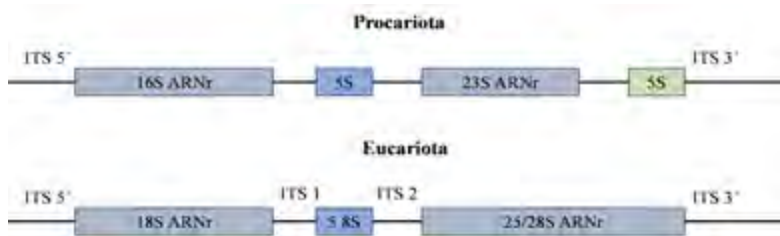


Figura 4. Organización del operón ARNr en procariotas: 16S-23S-5S y eucariotas: 18S-5.8S-25S (Dönhöfer et al., 2009).



Figura 5. Gen 16S con sus regiones variables en verde y conservadas en azul (Gutiérrez, 2021).

Finalmente, estos genes son algunos de los más empleados para establecer la identidad de una bacteria, el gen de estudio es seleccionado con base a lo que se pretende realizar, una taxonomía o identificación específica de una proteína, esto permitirá establecer la identidad o relaciones evolutivos de las especies de interés.

Bioinformática aplicada en bacterias

La bioinformática es una disciplina en donde se utiliza la aplicación de tecnologías informáticas para el desarrollo de investigaciones en las ciencias biológicas, es importante señalar que, en el campo de la ciencia, esto involucra la computación y las tecnologías de la información. Están basados en la pirosecuenciación y las denominadas plataformas "Next-generation sequencing (NGS)", hoy en día «secuenciación masiva», aún así van surgiendo nuevos equipos en secuenciadores (Hernández, Quijada, Rodríguez-Lázaro & Eiros, 2020).

Al momento de tener las secuencias en base al gen estudiado, tenemos la disponibilidad de más de 179 bases de datos, como la Base de Datos del Proyecto Ribosomal ("Ribosomal Database Project, RDP"); el Centro Nacional para la Información Biotecnológica ("National Center for Biotechnology Information, NCBI"); "Greengenes"; SILVA

::Glosario

ADN (Ácido desoxirribonucleico): molécula donde se resguarda la información genética de los organismos vivos. (NIH, 2023)

Animálculos: término que hace referencia a «pequeños animalitos» ("kleijne diertgens" o "dierkens" versión original holandesa); posteriormente son llamados "animalculum" o "animalcula" versión en latín singular y plural); en castellano es «animálculos». (Osorio, 2020)

ARN (Ácido ribonucleico): es un ácido presente en todas las células vivas relacionado con la síntesis de proteínas. (NIH, 2023)

ARNm: tipo de ARN de cadena única que participa en la síntesis proteica. Este se genera a partir de una plantilla de ADN durante el proceso de transcripción. (NIH, 2023)

ARNt: el ARN de transferencia es una molécula pequeña de ARN que cumple una función clave en la síntesis proteica. (NIH, 2023)

ARNr: componente principal de los ribosomas e indispensable para la síntesis de proteínas en los organismos. (NIH, 2023)

Pirosecuenciación: tecnología de laboratorio para determinar el orden de la secuencia del ADN del genoma de un organismo a través de la luminiscencia, conocida también como secuenciación por síntesis. (Ramon et al., 2003)

Polifásica: término que se utiliza para referirse al conjunto de pruebas fenotípicas, genotípicas y estudios filogenéticos que en conjunto aportan información para la clasificación de las bacterias. (Bou et al., 2011)

("SILVA ribosomal RNA database"); y EzTaxon ("EzTaxon Database") por mencionar algunas. Estos sitios, cuentan con una gran cantidad de datos; sin embargo, se recomienda utilizar más de una base de datos. La base de datos, y como todo, está en constante dinamismo, con la finalidad de obtener mejores resultados para la comunidad científica (Gutiérrez, 2021).

Conclusión

Las aportaciones que realizó Linnaeus sobre la taxonomía y nomenclatura binomial para los organismos vivos aún están vigentes y actuales; con adopciones y mejoras según el tipo de organismo. Particularmente, en el caso de las bacterias, el uso de los criterios planteados en ese momento no correspondía en su totalidad para el grupo de las bacterias.

El conocimiento de su material genético, el desarrollo tecnológico y un mejor entendimiento de las células procariontes, ha permitido fortalecer los criterios taxonómicos para dar nombre y clasificar a los procariontes, bajo un enfoque polifásico. Las nuevas técnicas moleculares han dado un gran aporte a la taxonomía bacteriana al integrar datos genómicos en la clasificación, pero también se vislumbran nuevos paradigmas con el avance de la ciencia.

Es indudable, que como ha pasado a lo largo de la historia, los cambios supondrán también nuevos conocimientos y habilidades a desarrollar por la comunidad científica, sin abandonar los elementos clásicos que hasta el día de hoy siguen vigentes.

Referencias

Anagrama. (s/f). Ernst Haeckel. *Editorial Anagrama* [Web]. Consultado el 08 de diciembre del 2023, en <http://www.anagrama-ed.es/autor/haeckel-ernst-493>

Animalandia. (s/f). Otto Friedrich Müller. *Animalandia – EducaMadrid* [Web]. Recuperado el 11 de agosto de 2024, de https://animalandia.educa.madrid.org/cientifico.php?autor_des=M%C3%BCller

Arana, M.D. & Bianco, C.A. (2015). Clasificación y nomenclatura de los seres vivos. En Bianco, C.A.; Basconsuelo, S. & Malpassi, R. (Comp.), *El misterio de la vida: biología para integrantes a la universidad* (2^{da} edición; pp. 11–27). UniRío Editora. <https://acortar.link/14fH83>

Biología 13/14. (2012, octubre 7). Robert Harding Whittaker. *Biología 13/14* [Web]. Consultado el 12 de diciembre del 2023, a <https://ninabg1213.blogspot.com/2012/10/robert-harding-whittaker-wichita-27-de.html>

Bonis, M.; Felten, A.; Pairaud, S.; Dijoux, A.; Maladen, V.; Mallet, L.; Radomski, N.; Duboisset, A.; Arar, C.; Sarda, X.; Vial, G.; Mistou, M.Y.; Firmesse, O.; Hennekinne, J.A. & Herbin, S. (2021). Comparative phenotypic, genotypic and genomic analyses of '*Bacillus thuringiensis*' associated with foodborne outbreaks in France. *PLoS ONE*, 16(2): e0246885. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246885>

Bou, G.; Fernández-Olmos, A.; García, C.; Sáez-Nieto, J.A. & Valdezate, S. (2011). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 29(8): 601–608. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>

Buscabiografías. (s/f_a). Ferdinand Cohn (su vida, historia, bio resumida). *Biografía de Ferdinand Cohn – Buscabiografías* [Web]. Recuperado el 13 de diciembre del 2024, de <https://www.buscabiografias.com/biografia/verDetalle/3531/Ferdinand%20Cohn>

Buscabiografías. (s/f_b). Robert Koch (su vida, historia, bio resumida). *Biografía de Robert Koch – Buscabiografías* [Web]. Recuperado el 13 de diciembre del 2023, de <https://www.buscabiografias.com/biografia/verDetalle/3121/Robert%20Koch>

Calcáneo, M.G.I. & de la Cueva, B.L. (2021). Historia de las clasificaciones. *Características generales de los dominios y los reinos; Portal Académico del CCH, UNAM* [Web]. Consultado el 12 de diciembre del 2023, en <https://portalacademico.cch.unam.mx/biologia2/caracteristicas-generales-dominios-y-reinos/historia-clasificaciones>

Carrasco F., J.; Millas Ortiz, P.; Santelices S., C. & Castro F., J.F. (2020). Identificación de microorganismos. En Castro F., J.F. (Ed.), *Conformación de colecciones de cultivos microbianos* (pp. 157–182). Boletín INIA #428. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Recuperado de <https://biblioteca.inia.cl/server/api/core/bitstreams/f1f48c1b-c718-4c6b-9c91-3a1ad00873a6/content>

Cortés-López, N.G.; Ordóñez-Baquera, P.L. & Domínguez-Viveros, J. (2020). Herramientas moleculares utilizadas para el análisis metagenómico: revisión. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 11(4): 1150–1173. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5202>

Dayrat, B. (2003). The Roots of Phylogeny: How Did Haeckel Build His Trees? *Systematic Biology*, 52(4): 515–527. <https://doi.org/10.1080/10635150390218277>

Dönhöfer, A.; Sharma, M.; Datta, P.; Nierhaus, K.; Agrawal, R. & Wilson, D. (2009). Factor-Mediated Ribosome Assembly in Bacteria. *ELS*, September. <https://doi.org/10.1002/9780470015902.a0021836>

Drews, G. (2000). The roots of microbiology and the influence of Ferdinand Cohn on microbiology of the 19th century. *FEMS Microbiology Reviews*, 24(3): 225–249. [https://doi.org/10.1016/S0168-6445\(00\)00026-7](https://doi.org/10.1016/S0168-6445(00)00026-7)

Espejo, R.T. & Plaza, N. (2018). Multiple Ribosomal RNA operons in bacteria: Their concerted evolution and potential consequences on the rate of evolution of their 16S rRNA. *Frontiers in Microbiology*, 9: e1232. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01232>

Fleischmann, R.D.; Adams, M.D.; White, O.; Clayton, R.A.; Kirkness, E.F.; Kerlavage, A.R.; Bult, C.J.; Tomb, J.-F.; Dougherty, B.A.; Merrick, J.M.; McKenney, K.; Sutton, G.; FitzHugh, W.; Fields, C.; Gocayne, J.D.; Scott, J.; Shirley, R.; Liu, L.; Glodek, A.; Kelley, J.M.; Weidman, J.F.; Phillips, C.A.; Spriggs, T.; Hedblom, E.; Cotton, M.D.; Utterback, T.R.; Hanna, M.C.; Nguyen, D.T.; Saudek, D.M.; Brandon, R.C.; Fine, L.D.; Fritchman, J.L.; Fuhrmann, J.L.; Geoghagen, N.S.M.; Gnehm, C.L.; McDonald, L.A.; Small, K.V.; Fraser, C.M.; Smith, H.O. & Venter, J.C. (1995). Whole-genome random sequencing and assembly of '*Haemophilus influenzae*' Rd. *Science*, 269(5223): 496–512. <https://doi.org/10.1126/science.7542800>

Gobernado, M. & López-Hontangas, J.L. (2003). Identificación bacteriana. *Enferm. Infecc. Microbiol. Clin.*, 21(2): 54–60. <https://n9.cj/so1jw>

Grote, M. (2018). Petri dish versus Winogradsky column: a longue durée perspective on purity and diversity in microbiology, 1880s–1980s. *History and Philosophy of the Life Sciences*, 40(1): 1–30. <https://doi.org/10.1007/s40656-017-0175-9>

Gutiérrez Millán, E. (2021). *Desarrollo de un clasificador bayesiano para análisis masivo de secuencias ribosomales 16S* (Tesis de Maestría en Ciencias en Biotecnología). Universidad Politécnica del Estado de Morelos. Recuperado el 11 de diciembre del 2023, de <https://www.upemor.edu.mx/posgrados/documentos/tesis/T.4315-Gutiérrez-Millán-Everardo.pdf>

Hernández, M.; Quijada, N.M.; Rodríguez-Lázaro, D. & Eiros, J.M. (2020). Aplicación de la secuenciación masiva y la bioinformática al diagnóstico microbiológico clínico. *Revista Argentina de Microbiología*, 52(2): 150–161. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.06.003>

Hossfeld, U. & Levit, G.S. (2016). "Tree of life" took root 150 years ago. *Nature*, 540: 38. <https://doi.org/10.1038/540038a>

López-Goñi, I. (2013, enero 02). El árbol que plantó Carl R. Woese. *MicroBIO noticias y curiosidades sobre virus, bacterias y microbiología* [Web]. Consultado el 15 de diciembre del 2023, de <https://microbioblog.es/el-arbol-que-planto-carl-r-woese>

LUMITOS AG. (s/f). Christian Gottfried Ehrenberg. *Química.es* [Web]. Recuperado el 12 de diciembre del 2023, de https://www.quimica.es/enciclopedia/Christian_Gottfried_Ehrenberg.html

Mignard, S. & Flandrois, J.P. (2006). 16S rRNA sequencing in routine bacterial identification: A 30-month experiment. *Journal of Microbiological Methods*, 67(3), 574–581. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2006.05.009>

NIH (National Human Genome Research Institute). (2023, agosto 12). *Glosario Parlante de Términos Genómicos y Genéticos, NIH* [Web]. <https://www.genome.gov/search?terms=glosario>

Osorio Abarzúa, C.G. (2020). Leeuwenhoek y sus animálculos. *Revista Chilena de Infectología*, 37(6): 762–766. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182020000600762>

Osorio-Abarzúa, C.G. (2021). Los microbios de Linneo. *Revista Chilena de Infectología*, 38(6): 793–797. <https://doi.org/10.4067/s0716-10182021000600793>

Osorio, C. (2017). Sobre el origen del término bacteria: una paradoja semántica. *Revista Chilena de Infectología*, 34(3): 265–269. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182017000300011>

Paul, B.; Dixit, G.; Murali, T.S. & Satyamoorthy, K. (2019). Genome-based taxonomic classification. *Genome*, 62(2): 45–52. <https://doi.org/10.1139/gen-2018-0072>

Pavan, M.E.; Pettinari, M.J.; Cairó, F.; Pavan, E.E. & Cataldi, A.A. (2011). '*Bacillus anthracis*': una mirada molecular a un patógeno célebre. *Revista Argentina de Microbiología*, 43(4): 294–310. http://www.scielo.org.ar/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0325-75412011000400010&lng=es&tlng=es

Ramírez Clavijo, S. (2007). Linneo: la pasión de un médico por la clasificación de los seres vivos. *Revista Ciencias de la Salud*, 5(1): 101–103. <https://www.redalyc.org/pdf/562/56250109.pdf>

Ramon, D.; Braden, M.; Adams, S.; Marincola, F.M. & Wang, L. (2003). PyrosequencingTM: A one-step method for high resolution HLA typing. *Journal of Translational Medicine*, 1(9): 1–10. <https://doi.org/10.1186/1479-5876-1-9>

Rodicio, M.R. & Mendoza, M.C. (2004). Identificación bacteriana mediante secuenciación del ARNr 16S: fundamento, metodología y aplicaciones en microbiología clínica. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 22(4): 238–245. <http://www.elsevier.es/es-revista-enfermedades-infecciosasmicrobiologia-clinica-28-articulo-identificacion-bacteriana-mediante-secuenciacion-del-13059055>

Roselló-Mora R. (2005). El concepto de especie en Procariontes. *Ecosistemas*, XIV(2): 11–16. <https://core.ac.uk/download/pdf/25641762.pdf>

Romero Bautista, L. (2007). Avances en la taxonomía y sistemática de los hongos: una revisión general. En: Contreras-Ramos, A.; Cuevas Cardona, C.; Goyenechea, I. & Iturbide, U. (Eds.); *La sistemática, base del conocimiento de la biodiversidad* (pp. 67–74). Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. ISBN 970-769-099-2.

Schleifer, K.H. (2009). Classification of *Bacteria* and *Archaea*: Past, present and future. *Systematic and Applied Microbiology*, 32(8): 533–542. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2009.09.002>

Sentausa, E. & Fournier, P.-E. (2013). Advantages and limitations of genomics in prokaryotic taxonomy. *Clinical Microbiology and Infection*, 19(9): 790–795. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12181>

UDEC (Universidad de Concepción). (2016, marzo 22). UdeC realizó simposio en homenaje al microbiólogo Carl Woese. *PanoramaWeb UdeC* [Web]. Consultado el 10 de diciembre del 2023, en <https://www.udec.cl/panoramaweb2016/content/udec-realiz%C3%B3-simposio-en-homenaje-al-microbi%C3%B3logo-carl-woese>

UNAM (Universidad Nacional Autónoma de México). (2019). Historia de la clasificación taxonómica. *Diversidad de los seres vivos—Biología; UNAM* [Web]. Consultado en <http://objetos.unam.mx/biologia/diversidadSeresVivos/historia.html>

Valenzuela-González, F.; Casillas-Hernández, R.; Villalpando, E. & Vargas-Albores, F. (2015). El Gen ARNr 16S en el estudio de comunidades microbianas marinas. *Ciencias Marinas*, 41(4): 297–313. <https://doi.org/10.7773/cm.v41i4.2492>

Ventana al Conocimiento. (2018, agosto 24). Van Leeuwenhoek, el descubrió la vida microscópica. *OpenMind BBVA* [Web]. Consultado el 09 de diciembre del 2023, en <https://www.bbvaopenmind.com/ciencia/grandes-personajes/el-comerciante-que-descubrio-la-vida-microscopica/>

Woese, C.R.; Kandler, O. & Wheelis, M.L. (1990). Towards a natural system of organisms: Proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 87(12): 4576–4579. <https://doi.org/10.1073/pnas.87.12.4576>



EJEMPLAR DE CEIBA *Ceiba pentandra* (L.) Gaernt., EN LAS INSTALACIONES DE LA DACBIOL.
División Académica de Ciencias Biológicas (DACBIOL); Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT), Villahermosa, Tabasco; México.

Fotografía: cortesía de David Caceres García.

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

DACBIOL

DACBIOL

ILUMINACIÓN NOCTURNA DE LA ENTRADA PRINCIPAL Y FACHADA DE LA DACBIOL-UJAT.

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

Fotografía: cortesía de David Caceres García.



KUXULKAB'

División Académica de Ciencias Biológicas; Universidad Juárez Autónoma de Tabasco

+52 (993) 358 1500, 354 4308 ext. 6415

kuxulkab@ujat.mx

www.revistas.ujat.mx

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