



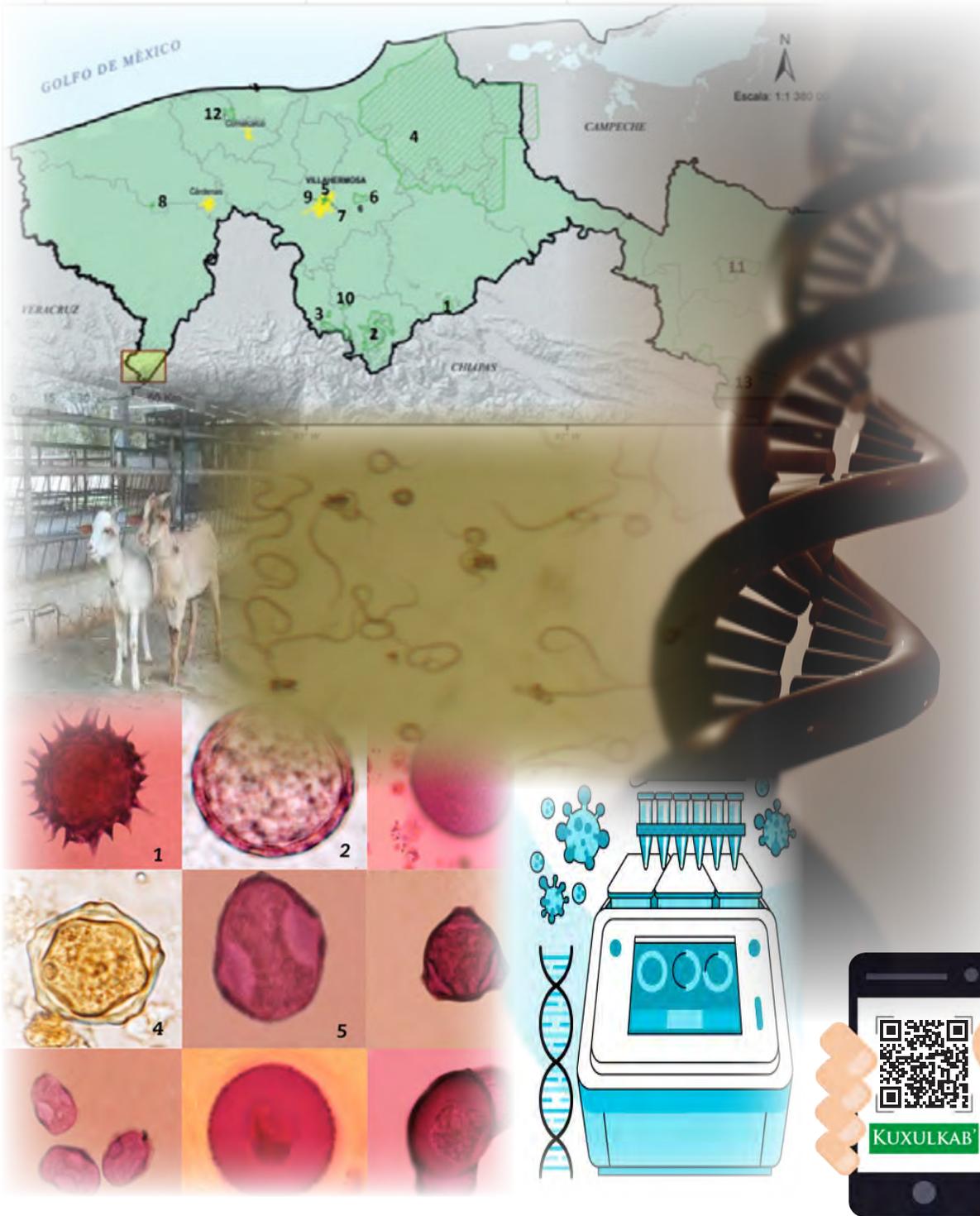
KUXULKAB'

-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



ESTADO DEL RELICTO DE SELVA DEL «CERRO DE LAS FLORES», SIERRA DE HUIMANGUILLO, TABASCO, MÉXICO

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

Eduardo Javier Moguel Ordóñez¹, Nelly del Carmen Jiménez Pérez², Ruth del Carmen Luna Ruiz³, Coral Jazvel Pacheco Figueroa⁴, Juan de Dios Valdez Leal⁵, Ena Edith Mata Zayas⁶, Lilia María Gama Campillo⁷ & Luis José Rangel Ruiz⁸

¹Maestro en Ciencias en Agrometeorología por el Colegio de Postgraduados (COLPOS). Colaborador del cuerpo académico «Conservación y gestión ambiental (CA CGAmb)» de la División Académica de Ciencias Biológicas (DACBiología) en la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT). ²Doctora en Ciencias (sistemática) por el Instituto de Ecología (INECOL A.C.). Especialista en flora regional y curadora de la colección de plantas vasculares del Herbario UJAT. ³Maestra en Ciencias Ambientales (MCA) por la UJAT. Docente en la Universidad Intercultural del Estado de Tabasco (UIET). Colaboradora en el «Laboratorio de Ecología del Paisaje y Cambio Global (LEPCG)» y el «CA CGAmb». ⁴Doctora en Ciencias en Ecología y Manejo de Sistemas Tropicales (DEST) por la UJAT. Integrante del «CA CGAmb». ⁵Doctor (DEST). Integrante «CA CGAmb». ⁶Doctora en Ciencias Biológicas por la Universidad de Plymouth (Inglaterra). Integrante del cuerpo académico «Resiliencia ante el cambio global». ⁷Doctora en Ciencias por la Universidad de California, campus Riverside. Responsable del «LEPCG». ⁸Doctor en Ciencias (Biología) por la UNAM. Integrante del CA CGAmb. Responsable del «Laboratorio de Malacología».

División Académica de Ciencias Biológicas (DACBiología); 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.

✉ njimenezp@hotmail.com

¹ 0000-0002-1641-6794 ² 0000-0002-6500-100X ³ 0000-0002-0133-1181
⁴ 0000-0001-5281-9251 ⁵ 0000-0002-0315-2400 ⁶ 0000-0001-7673-3081
⁷ 0000-0002-5417-9697 ⁸ 0000-0001-9921-0048

Como referenciar:

Moguel Ordóñez, E.J.; Jiménez Pérez, N.C.; Luna Ruiz, R.C.; Pacheco Figueroa, C.J.; Valdez Leal, J.D.; Mata Zayas, E.E.; Gama Campillo, L.M. & Rangel Ruiz, L.J. (2022). Estado del relictos de selva del «Cerro de las Flores», Sierra de Huimanguillo, Tabasco, México. *Kuxulkab'*, 28(61): 05-13, mayo-agosto. <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4508>

Disponible en:

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

DOI: <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4508>

Resumen

En la Sierra de Huimanguillo, Tabasco, México, aún persiste un fragmento de vegetación en el «Cerro de las Flores», reconocido por algunos investigadores como selva alta perennifolia y por otros como bosque mesófilo de montaña. Representa el único relictos mejor conservado de vegetación arbórea en la zona y es el punto de continuidad entre los corredores biológicos «Humedales Costeros-Sierra de Huimanguillo» y «Selva Maya-Zoque». Usando imágenes 'Spot' (2015) se delimitó una superficie de 5,782.34 hectáreas que incluye todo el «Cerro de las Flores» dividiéndolo en área de conservación y área de amortiguamiento. Usando el continuo de elevaciones mexicano 3.0 del INEGI se encontró que las altitudes en el área fluctúan entre 157 msnm y hasta 1,039 msnm. Es necesario implementar estrategias que permitan la conservación de la vegetación primaria y secundaria aun existente en la zona, creando una franja de amortiguamiento al «Cerro de las Flores».

Palabras clave: Uso del suelo; Bosque mesófilo de montaña; Corredor biológico mexicano; Selva alta perennifolia; Conservación de la selva.

Abstract

In the Sierra de Huimanguillo, Tabasco, Mexico, a fragment of vegetation still persists in the «Cerro de las Flores», it has been recognized as tropical evergreen forest by some authors and as a cloud forest by some others. It represents the only best-preserved remnant of arboreal vegetation in the area and connects the biological corridors «Humedales Costeros-Sierra de Huimanguillo» and «Selva Maya-Zoque». 'Spot' images (2015) were used to delimit a surface of 5,782.34 hectare, which includes the entire 'Cerro de las Flores', divide into a conservation area and a buffer area. By using the INEGI's Mexican elevation continuum 3.0, it was found that altitudes in the area range between 157 masl and up to 1,039 masl. Implement strategies to conserve the primary and secondary vegetation that remains in the area is necessary, such as create a buffer strip for 'Cerro de las Flores'.

Keywords: Land use; Cloud forest; Mexican biological corridor; Tropical evergreen forest; Rainforest conservation.

En la actualidad, el estado de Tabasco conserva menos del 5 % de su vegetación original (Palma-López, Vázquez, Mata, López, Morales, Chablé, Contreras & Palma-Cancino, 2011), la cual se encuentra principalmente en las zonas más inhóspitas o con difícil acceso, situación que ha favorecido su permanencia hasta estos momentos; sin embargo, esto no es suficiente para, al menos, mantener esas superficies intactas. Un ejemplo de ello es el caso de la selva alta y mediana en la sierra de Huimanguillo, que en el periodo del 2000 al 2010, los fragmentos de estos tipos de vegetación disminuyeron su superficie un total de 1,074.06 hectáreas (Núñez-Gómez, Jiménez-Briseño & Ramos-Reyes, 2011).

Aun cuando la superficie de estos fragmentos de selva continúan disminuyendo, su deterioro se ha reducido gracias al interés que las comunidades de la zona han tenido en su protección. En el 2011, con la conformación de la Unión de Ejidos de la Sierra de Huimanguillo (UNESIH) se propuso el «Ordenamiento Comunitario de la Región 'Sierra de Huimanguillo'», donde uno de sus objetivos fue el generar un modelo de optimización de uso de suelo que contribuya a alcanzar la sustentabilidad de la región. En esta propuesta de ordenamiento, los fragmentos de selva alta y mediana existentes en la zona, en particular el ubicado en el «Cerro de las Flores» (antena microondas como se conoce localmente) se definieron como Área de Protección dentro de las políticas de uso del suelo (UNESIH, 2011).

El Cerro de las Flores mantiene la mayor superficie de selva alta perennifolia de toda la zona de la sierra de Huimanguillo y, junto con sus cascadas, arroyos y paisajes, constituyen un atractivo ecoturístico; además de que por su condición nubosa, su relieve elevado y escarpado, por demás difícil acceso, ha llamado la atención a muchos estudiosos de la biodiversidad, en especial a los interesados en la flora, quienes han definido a ese tipo de vegetación como bosque mesófilo de montaña (Almeida, 2008; Challenger, Golicher, González, March, Ramírez & Vidal, 2010; Carvajal-Hernández, Silva-Mijangos, Kessler & Lehnert, 2018).

Aun cuando se han realizado diversos estudios sobre la selva del Cerro de las Flores, o en áreas más amplias que lo incluyen, es necesario acelerar el paso para generar información sobre las condiciones actuales del área, remarcando la importancia ambiental y socioeconómica que tiene para los pobladores de la zona. Por esta razón, se preparó este escrito sobre ese bastión de la naturaleza incluyendo información sobre su relevancia en instrumentos como los corredores biológicos y las regiones prioritarias de bosques mesófilos de montaña, así como del estado actual de uso de suelo y del relieve de dicho cerro, el cual ha resistido el embate del hombre, del fuego y, adicionalmente, enfrenta la amenaza del calentamiento global y cambio climático.

El estudio

Se definió como área de estudio el Cerro de las Flores, que se encuentra al sur del municipio de Huimanguillo, Tabasco; en la porción limítrofe con los estados de Veracruz y Chiapas. Se delimitó una zona de 5,782 hectáreas (ha) en la porción más septentrional de la Sierra Norte de Chiapas (figura 1), incluyendo a dos comunidades: Villa de Guadalupe y Francisco J. Mújica; ambos núcleos poblacionales de los ejidos del mismo nombre.

«La Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) define como área protegida un espacio geográfico bien definido, reconocido, dedicado y manejado, por medios legales u otros eficaces, para alcanzar la conservación de la naturaleza a largo plazo con servicios asociados del ecosistema y valores culturales»

Jiménez Pérez (2019)

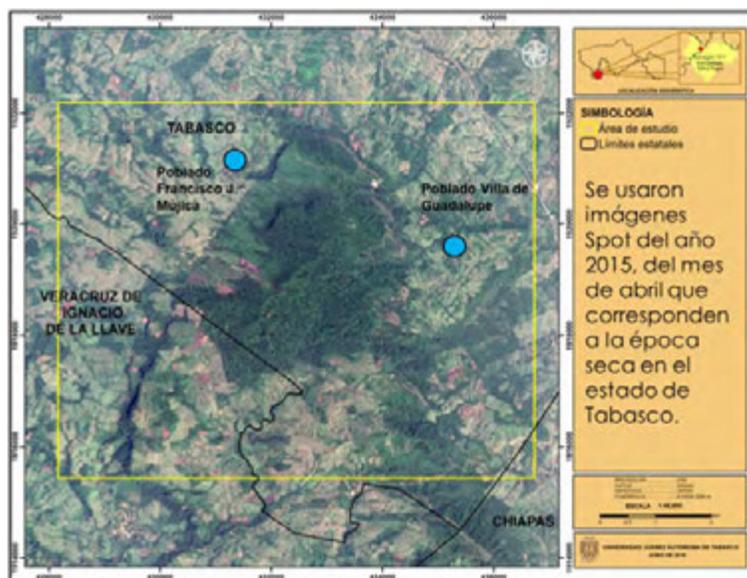


Figura 1. Delimitación del área de estudio, al centro el Cerro de las Flores, Huimanguillo (Tabasco, México); elaboración propia usando imágenes 'Spot', 2015.

En los alrededores de la zona de estudio se encuentran las comunidades La Candelaria, Malpasito, Las Flores, Chimalapa Primera, Chimalapa Segunda y Carlos A. Madrazo, pertenecientes al estado de Tabasco; y El Horcón, Playa Santa y Aquiles Serdán, del estado de Veracruz. Para delimitar los usos de suelo y tipos de vegetación se usaron imágenes 'Spot' del año 2015, se realizaron recorridos georreferenciados en campo para verificar tanto los usos de suelo como los estados sucesionales de la vegetación y se definió el relieve del cerro usando el continuo de elevaciones mexicano 3.0 (CEM 3.0) del Instituto Nacional de Estadística y Geografía 'INEGI' (2013).

Importancia del área estudiada en los instrumentos de conservación. Uno de los principales problemas en las estrategias de conservación de la biodiversidad es la dinámica de deforestación de las selvas y bosques, que en las zonas serranas es aún muy evidente en pequeñas superficies para apertura de tierras destinadas a la ganadería y agricultura y aprovechamiento de madera.

La política de creación de Áreas Naturales Protegidas (ANP) ha permitido reducir significativamente el deterioro de los ecosistemas que se encuentran dentro de sus límites; sin embargo, en Tabasco la distribución de las existentes aun no cubre zonas de interés biológico como la sierra de Huimanguillo (figura 2); por otro lado, la cercanía del Cerro de las Flores a las reservas <Selva el Ocote>

<Cañón del Sumidero> y <La Sepultura> (figura 3) ayuda a que la diversidad de las ANP de jurisdicción federal, tengan un nodo de comunicación con la planicie del Golfo de México.

La creación de los Corredores Biológicos es una estrategia que, entre otras cosas, busca mantener o restaurar la conectividad del paisaje, la continuidad de los procesos biológicos y recuperar la conectividad entre áreas protegidas (Álvarez, 2013). El fragmento o isla de vegetación que se encuentra en el Cerro de las Flores es el único fragmento con una alta condición de conservación en la zona y, por su ubicación, es la única isla de vegetación en el extremo sur del Corredor Humedales Costeros-Sierra de Huimanguillo que comunica con el corredor Selva Maya-Zoque (figura 4). Por lo tanto, es un punto de convergencia en uno de los dos corredores biológicos que mantienen la conectividad entre los ecosistemas de la llanura costera del Golfo de México y los del Pacífico (el segundo es el continuo de corredores Pantanos de Centla-Cañón del Usumacinta, Sierra de Tabasco hasta la Selva Maya-Zoque).

Además, con base en la propuesta de Challenger *et al.* (2010) para bosques mesófilos de montaña (BMM), la zona de estudio se encuentra en la Subregión Selva Negra dentro de la Región Montañas del Norte y Altos de Chiapas (figura 5) lo cual incrementa su importancia biológica ya que, dentro de esas regiones se encuentra biodiversidad característica de ese tipo de vegetación, incluyendo elementos boreales como el liquidámbar (*Liquidambar styraciflua* L.) que aún se aprecia en las partes más elevadas del Cerro de las Flores.

Para Birdlife International (2021) la Sierra de Tabasco (61,858 ha de esta), incluyendo a la Sierra de Huimanguillo, es un área importante para las aves y la biodiversidad (IBA MX 155 Sierra de Tabasco) reportándose registros que involucran el 73 % de la avifauna conocida para el Estado (321 especies de aves en la zona serrana).

Uso del suelo y vegetación. La zona de estudio delimitada (figura 1) tiene una extensión de 5,782.34 ha, de las cuales 1,379.18 corresponden a la totalidad del Cerro de las Flores (figura 6), distribuidas en vegetación primaria (929.71 ha), vegetación secundaria (337.89 ha) y pastizales, agricultura, carreteras y laderas (111.58 ha).

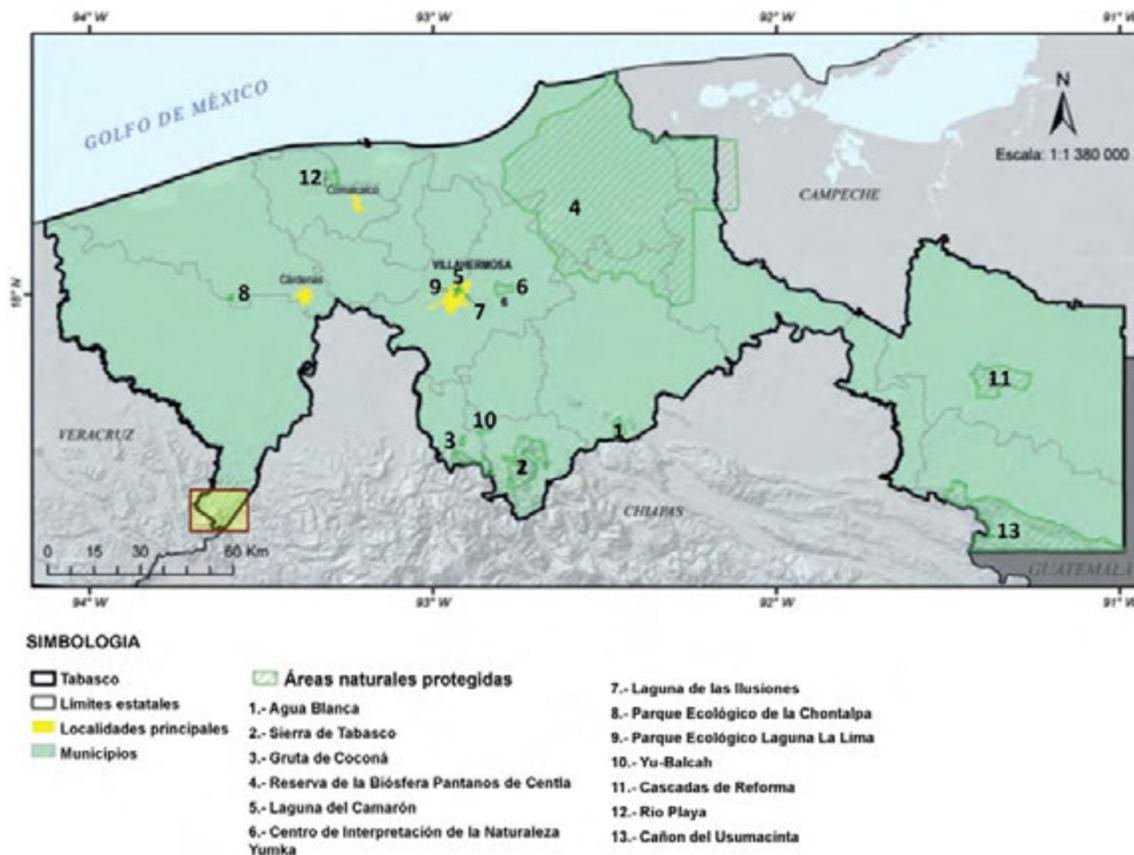


Figura 2. Localización del Cerro de las Flores, Huimanguillo (Tabasco, México) en relación con las Áreas Naturales Protegidas (ANP) decretadas en el estado de Tabasco (Jiménez, 2019)



Figura 3. Ubicación de las Áreas Naturales Protegidas (ANP) federales más cercanas a la zona de estudio, Cerro de las Flores, Huimanguillo (Tabasco, México) (CONANP, 2021).

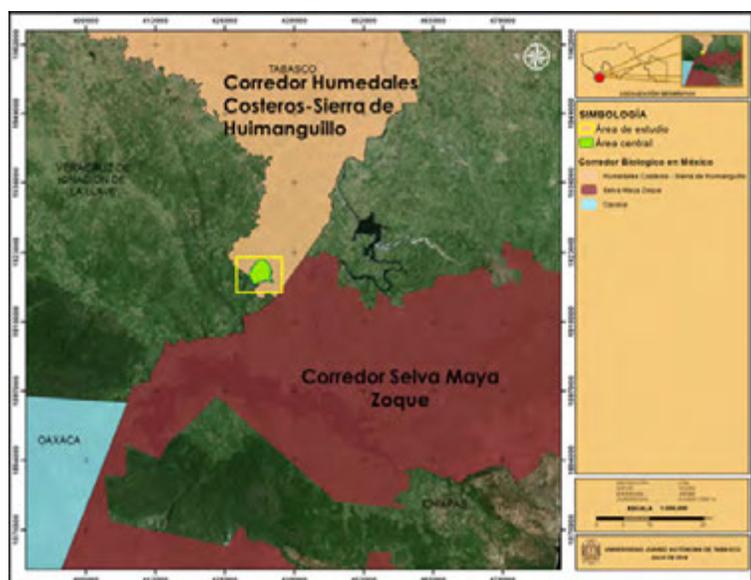


Figura 4. Ubicación del Cerro de las Flores, en relación con los corredores biológicos Humedales Costeros-Sierra de Huimanguillo y Selva Maya-Zoque; (elaboración propia con base en Álvarez, 2013).

Las restantes 4,403.16 corresponden a pastizales (2,760.61 ha), vegetación secundaria (1,341.94 ha), vegetación primaria (203.52 ha) y agricultura, carretera, cuerpo de agua y zona urbana (97.08 ha). Para fines de manejo enfocado a la protección, las 1,379.18 ha del Cerro de las Flores se sugiere considerarlas como «área conservada» y las restantes 4,403.16 ha a las faldas del cerro funcionarían como «área de amortiguamiento», en la cual se promovería la restauración y prácticas agropecuarias tendientes a la agroforestería (tabla 1).

Dentro del área estudiada se tiene una superficie de 1,133.23 ha cubiertas con vegetación primaria, de los cuales 929.71 ha (el 82.04 % de las mismas) se encuentran en el área conservada (figura 7). Se suma a la vegetación primaria una superficie de 1,679.83 ha de vegetación secundaria en diversos estados sucesionales; el mayor porcentaje de esta última cobertura vegetal (el 79.9 %) se encuentra en el área de amortiguamiento alrededor del Cerro de las Flores. Los pastizales usados en la ganadería representan el 48.84 % (2,823.97 ha) de toda la superficie estudiada, y de este total, el 97.76 % se encuentra en el área de amortiguamiento (tabla 1).

Las tres coberturas de suelo señaladas (vegetación primaria, vegetación secundaria y pastizales) cubren el 97.5 % (5,637.03 ha) de la superficie total estudiada. El restante 2.5 % corresponde a usos de suelo como carreteras y caminos de terracería (28.06 ha), zona urbana (20.28 ha), laderas (escarpes de fallas) del Cerro de las Flores (38.88 ha) y cuerpo de agua (3.4 ha). La vegetación primaria en la parte más elevada del Cerro de las Flores ha sido catalogada como de BMM (Almeida, 2008; Gual-Díaz y González-Medrano, 2014; Carvajal-Hernández *et al.*, 2018); sin embargo, hasta el momento no se cuenta con un estudio detallado que evalúe los componentes tanto de biodiversidad como abióticos (particularmente las condiciones de temperatura y humedad atmosférica) que permitan definir si puede o no ser catalogada como tal, en el entendido de que los bosques mesófilos de montaña son una comunidad vegetal donde predominan elementos tropicales entremezclados con otros típicamente boreales y donde las condiciones de humedad son muy favorables, lo que resulta en una gran riqueza de especies, con abundancia de plantas trepadoras y epífitas (Villaseñor, 2010).



Figura 5. Ubicación del Cerro de las Flores, Huimanguillo (Tabasco, México) dentro de la regionalización para Bosques Mesófilos de Montaña; (elaboración propia con base en Challenger *et al.*, 2010).

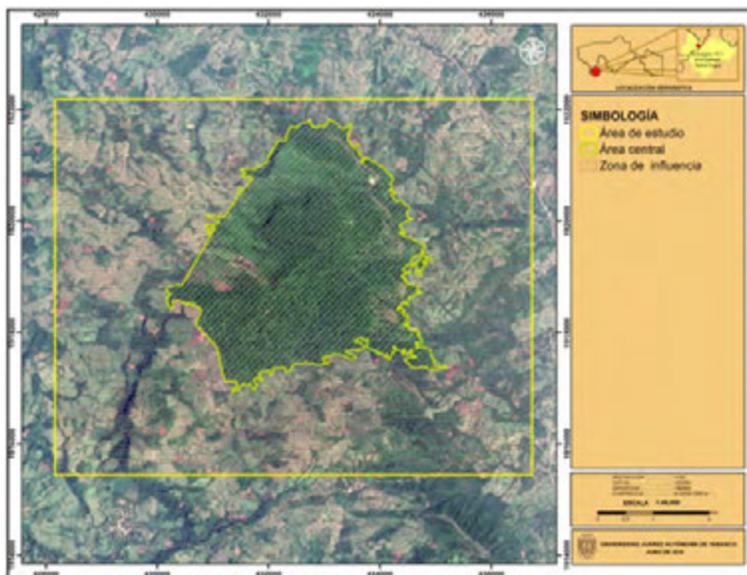


Figura 6. Área de estudio y polígono más conservado dentro del mismo. Cerro de las Flores, Huimanguillo (Tabasco, México), (elaboración propia).

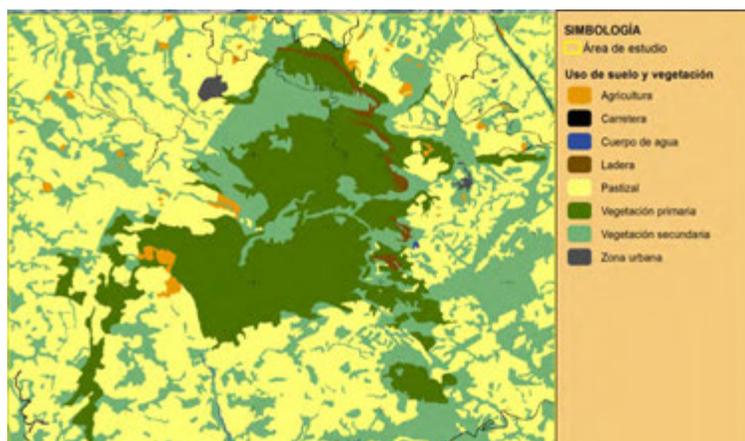


Figura 7. Usos de suelo en el Cerro de las Flores, Huimanguillo (Tabasco, México), (elaboración propia).

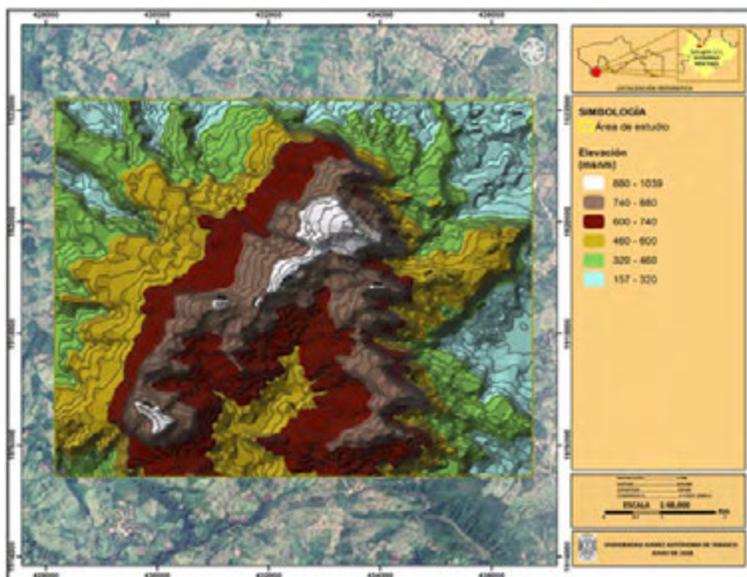


Figura 8. Modelo de elevaciones del Cerro de las Flores, Huimanguillo, (Tabasco, México); las curvas de nivel se encuentran cada 30 m; (elaboración propia con base en el Continuo de Elevaciones Mexicano 3.0, CEM 3.0).

Tabla 1. Superficies por categoría de uso del suelo en el «Cerro de las Flores», Huimanguillo (Tabasco, México).

Tipo	Categoría Uso suelo	Superficie (hectáreas)
Área conservada	Agricultura	6.99
	Carretera	2.28
	Ladera	38.88
	Pastizal	63.36
	Vegetación primaria	929.71
	Vegetación secundaria	337.89
	Camino	0.07
Área de amortiguamiento	Agricultura	47.69
	Carretera	25.71
	Cuerpo de agua	3.40
	Pastizal	2,760.61
	Vegetación primaria	203.52
	Vegetación secundaria	1,341.94
	Zona urbana	20.28
Total		5,782.34

Autores como Carvajal-Hernández *et al.* y Castillo & Zavala (2019) reconocen la existencia de BMM en el Cerro de las Flores, coincidiendo en que, desde los 500 y hasta los 700 msnm, se encuentra una zona de transición entre la selva mediana subperennifolia y este tipo de vegetación. Los primeros autores señalan que el BMM ocupa una franja desde los 700 hasta los 1,000 msnm, abarcando una superficie aproximada de 0.9 km², mientras que los segundos autores señalan que el BMM se ubica entre los 550 y hasta los 1,000 msnm en las laderas del cerro.

Relieve del área estudiada. De acuerdo al Instituto Nacional de Estadística y Geografía 'INEGI', la zona estudiada se encuentra en la provincia fisiográfica Sierras de Chiapas y Guatemala, específicamente en la subprovincia Sierras del Norte de Chiapas (INEGI, 2008). Geomorfológicamente, el área está en la región Laderas de Montaña, que es un sistema montañoso con orientación noroeste-sureste, y en la región del sur de Huimanguillo está conformado por laderas inclinadas sobre areniscas y conglomerados del periodo terciario oligoceno-mioceno, las cuales se formaron por la elevación de un bloque cuya cima corresponde al Cerro de las Flores (o microondas) y al Mono Pelón, las cuales son las mayores elevaciones del Estado (Zavala & Ortiz, 2019).

Usando el continuo de elevaciones mexicano 3.0 (CEM 3.0) del INEGI con resolución de 15 m, se generó el modelo de elevaciones del Cerro de Las Flores, usando curvas con una separación de 30 metros (figura 8).

Se aprecia con facilidad que la cima mayor (con hasta 1,039 msnm) es la que está al Norte de la formación, también se aprecian tres cimas menores con elevaciones ligeramente superiores a los 900 msnm. La ladera Norte y Noreste tienen las laderas más escarpadas, aunque la porción Suroeste también presenta este tipo de laderas, lo cual es atractivo a interesados en el montañismo y rapel, pero en particular a los interesados en la biodiversidad puesto que no se tienen evidencias escritas de la exploración de esas laderas, las que, por su condición muy escarpada y predominantemente orientadas al Este, reciben radiación solar prácticamente solo hasta el mediodía, manteniéndose umbrosas lo restante del día, condición única en Tabasco.

Conclusiones

No cabe duda de que el Cerro de las Flores es un sitio de mucho interés y atracción tanto para los estudiosos de los recursos naturales como para aquellos que buscan esparcimiento ecológico o ecoturismo en lugares aun poco desarrollados turísticamente.

De lo presentado en los dos apartados anteriores de este documento, se puede, a manera de conclusión, señalar lo siguiente:

- ✓ El Cerro de las Flores mantiene una de las superficies arboladas más extensas y conservadas de Tabasco en elevaciones de hasta 1,000 msnm.
- ✓ La ubicación del Cerro de las Flores es estratégica dentro de la funcionalidad de los Corredores Biológicos Mexicanos, en especial porque es el único fragmento de vegetación en la colindancia de los Corredores Húmedales Costeros-Sierra de Huimanguillo y Selva Maya-Zoque.
- ✓ Aun cuando el Cerro de las Flores está dentro de los límites de la Subregión Selva Negra para los Bosques Mesófilos de Montañas en la Región Montañas del Norte y Altos de Chiapas, no se tienen estudios particulares que permitan identificarlo como tal, por lo cual sería importante reunir elementos tanto bióticos como abióticos que permitan caracterizarlo y poder así monitorear esos aspectos (mínimamente) a mediano y largo plazo.
- ✓ Es necesario implementar estrategias que permitan la conservación de los usos de suelo identificados como vegetación primaria y secundaria, y que además permitan crear un área de amortiguamiento al Cerro de las Flores.

Agradecimientos

Este escrito se efectuó como parte del proyecto «Descripción fisiográfica de un relicto de Bosque Mesófilo de Montaña en Huimanguillo, Tabasco», con folio 511 dentro de los Proyectos de Investigación de Apoyo Institucional de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT). Los autores agradecen a los revisores anónimos de este manuscrito.

Referencias

- Almeida Cerino, C.M.** (2008). *Distribución espacial de la comunidad de orquídeas epífitas en la selva alta perennifolia y bosque mesófilo de montaña, en el ejido Villa Guadalupe, Huimanguillo, Tabasco, México* (Tesis de licenciatura en ecología, publicada). Universidad de Juárez Autónoma de Tabasco. Consultado en «<https://acortar.link/j7AWs2>»
- Álvarez Icaza, P.** (2013). Corredor Biológico Mesoamericano en México. *Biodiversitas*, (110): 1-5, septiembre-octubre. Recuperado de «<https://www.biodiversidad.gob.mx/corredor/pdf/PROFORCO/01-Biodiversitas-Corredores.pdf>»
- BirdLife International.** (2021). Important Bird Areas factsheet: Sierra de Tabasco. *BirdLife International* [Web]. Consulted in February 2, 2021 from «<http://datazone.birdlife.org/index.php/site/factsheet/sierra-de-tabasco-iba-mexico/refs>»
- Carvajal-Hernández C.I.; Silva-Mijangos L.; Kessler M. & Lehnert M.** (2018). Adiciones a la pteridoflora de Tabasco, México: la importancia del bosque mesófilo de Montaña. *Acta Botánica Mexicana*, (124): 7-18. DOI «<https://doi.org/10.21829/abm124.2018.1300>»

Castillo Acosta, O. & Zavala Cruz, J. (2019). Tipos de vegetación. En: Cruz Angón, A.; Cruz Medina, J.; Valero Padilla, J.; Rodríguez Reynaga, F.P.; Daniela Melgarejo, E.; Mata Zayas, E.E. & Palma López, D.J. (Coord.); *La biodiversidad en Tabasco: estudio de estado* (Vol. 1; pp. 69-76). México: Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). ISBN volumen: 9786078570201; obra completa: 9786078570195. Recuperado de «<https://bioteca.biodiversidad.gob.mx/janium/Documentos/14868.pdf>»

Challenger, A.; Golicher, D.; González Espinoza, M.; March Mistsut, I.; Ramírez Marcial, N. & Vidal Rodríguez, R.M. (2010). XII Montañas del Norte y Altos de Chiapas. En: Toledo Aceves, T. (Coord.); *El bosque mesófilo de montaña en México: amenazas y oportunidades para su conservación y manejo sostenible* (pp. 133-141). México: Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). ISBN 978-607-7607-35-9. Recuperado de «<https://acortar.link/25duNV>»

CONANP (Comisión Nacional de Áreas Naturales Protegidas). (2021). Mapas de las Áreas Naturales Protegidas: serie cartográfica. *CONANP - Gobierno de la República* [Web]. Consultado el 11 de enero de 2021 de «http://sig.conanp.gob.mx/website/pagsig/mapas_serie.htm»

Gual-Díaz, M. & González-Medrano, F. (2014). Los bosques mesófilos de montaña en México. En: Gual-Díaz, M. & Rendón-Correa, A. (Comp.); *Bosques mesófilos de montaña de México: diversidad, ecología y manejo* (pp. 27-68). México: Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). ISBN 978-607-8328-07-9. Recuperado de «<https://acortar.link/jc77IM>»

INEGI (Instituto Nacional de Estadística y Geografía). (2008). *Características edafológicas, fisiográficas, climáticas e hidrográficas de México* (p. 31). México: Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI). Consultado el 06 de febrero del 2021 de «https://www.inegi.org.mx/inegi/spc/doc/internet/1-geografiademexico/manual_carac_eda_fis_vs_enero_29_2008.pdf»

INEGI (Instituto Nacional de Estadística y Geografía). (2013). Continuo de Elevaciones Mexicano 3.0 (CEM 3.0). *Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI)* [Web]. Consultado el 21 de junio del 2021 de «<https://www.inegi.org.mx/app/geo2/elevacionesmex/>»

Jiménez Pérez, N.C. (2019). 10. Instrumentos y políticas públicas: Áreas Naturales Protegidas (ANP) y regiones prioritarias para la conservación. En: Cruz Angón, A.; Cruz Medina, J.; Valero Padilla, J.; Rodríguez Reynaga, F.P.; Daniela Melgarejo, E.; Mata Zayas, E.E. & Palma López, D.J. (Coord.); *La biodiversidad en Tabasco: estudio de estado* (Vol. 3; pp. 347-354). México: Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). ISBN volumen: 9786078570225; obra completa: 9786078570195. Recuperado de «<https://bioteca.biodiversidad.gob.mx/janium/Documentos/15225.pdf>»

Núñez-Gómez J. C., Jiménez-Briseño C. M. & Ramos-Reyes, R. (2011). *Dinámica del uso del suelo en la sierra de Huimanguillo, Tabasco, sus efectos al cambio climático* (ponencia en el 2do Encuentro Nacional de Investigación Científica y 1er Simposium Internacional de Investigación Multidisciplinaria). Tenosique, Tabasco; México: Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT).

Palma-López D.J.; Vázquez Navarrete, C.J.; Mata Zayas, E.E.; López Castañeda, A.; Morales Garduza, M.A.; Chablé Pascual, R.; Contreras Hernández, J. & Palma-Cancino, D.Y. (2011). *Zonificación de ecosistemas y agroecosistemas susceptibles de recibir pagos por servicios ambientales en la Chontalpa, Tabasco* (p. 128). Villahermosa, Tabasco; México: Colegio de Postgraduados (COLPOS), Campus Tabasco; Secretaría de Recursos Naturales y Protección Ambiental (SERNAPAM); Petróleos Mexicanos (PEMEX). ISBN 978-607-95764-0-0. Recuperado de «<https://acortar.link/nEIPhA>»

UNESIH (Unión de Ejidos de la Sierra de Huimanguillo). (2011). *La restauración regional del paisaje en Tabasco: iniciativa ejidal para el Ordenamiento Comunitario de la Región «Sierra de Huimanguillo», Tabasco* (Diapositivas; p. 48). Recuperado el 28 de enero de 2021 de «<http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/7/2829unesih.pdf>»

Villaseñor, J.L. (2010). *El bosque húmedo de montaña en México y sus plantas vasculares: catálogo florístico-taxonómico* (p. 40). México: Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO); Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). ISBN 978-607-02-1557-5. Recuperado de «<https://www.biodiversidad.gob.mx/publicaciones/librosDig/pdf/Bosque%20humedo%20de%20montana.pdf>»

Zavala Cruz, J. & Ortiz Pérez, M.A. (2019). 1. Contexto físico: geomorfología. En: Cruz Angón, A.; Cruz Medina, J.; Valero Padilla, J.; Rodríguez Reynaga, F.P.; Daniela Melgarejo, E.; Mata Zayas, E.E. & Palma López, D.J. (Coord.); *La biodiversidad en Tabasco: estudio de estado* (Vol. 1; pp. 29-36). México: Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). ISBN volumen: 9786078570201; obra completa: 9786078570195. Recuperado de «<https://bioteca.biodiversidad.gob.mx/janium/Documentos/14868.pdf>»



BIOCONTROL DE PARÁSITOS DE RUMIANTES CON HONGOS

BIOCONTROL OF PARASITES IN RUMINANTS WITH FUNGI

Nadia Florencia Ojeda Robertos^{1✉}, Roger Iván Rodríguez Vivas² & Jorge Alonso Peralta Torres³

¹Médico Veterinario Zootecnista; Maestra en Ciencias en Producción Animal, y Doctora en Ciencias Agropecuarias por la Universidad Autónoma de Yucatán (UADY). Actualmente, profesora-investigadora en la División Académica de Ciencias Agropecuarias (DACA) de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT). Estudia la línea sobre epidemiología y control de enfermedades parasitarias en rumiantes.

²Médico Veterinario Zootecnista por la UADY, con estudios de Maestría y Doctorado en la Universidad de Liverpool (Reino Unido). Profesor de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UADY. Desarrolla investigación en la línea de salud y parasitología de animales domésticos.

³Médico Veterinario Zootecnista por la Universidad Veracruzana (UV); Maestro en Producción Animal Tropical (reproducción); Doctor en Ciencias Agropecuarias por la UADY. Hoy profesor de la DACA-UJAT, tiene la línea de investigación sobre reproducción animal tropical.

División Académica de Ciencias Agropecuarias (DACA), Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT): Carretera Federal #195 (Villahermosa-Teapa), km 25, La Huasteca 2^{da} Sección; C.P. 86290. Villahermosa, Tabasco; México.

✉ nojedar@hotmail.com

ORCID[®] 0000-0001-7454-6960 ORCID[®] 0000-0002-3340-8059

ORCID[®] 0000-0002-8962-6434

Como referenciar:

Ojeda Robertos, N.F.; Rodríguez Vivas, R.I. & Peralta Torres, J.A. (2022). Biocontrol de parásitos de rumiantes con hongos. *Kuxulkab'*, 28(61): 15-22, mayo-agosto. <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4532>

Disponible en:

<https://revistas.ujat.mx>

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

DOI: <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4532>

Resumen

Los hongos son organismos vivos con algunas especies que actúan como enemigos naturales de parásitos que afectan a la ganadería y pueden ser utilizados para el control de poblaciones de garrapatas, moscas y gusanos gastrointestinales. El control de los nematodos gastrointestinales con el microhongo, '*Duddingtonia flagrans*', reduce la carga parasitaria de los pastizales al atrapar y alimentarse de las larvas infectantes de los gusanos gastrointestinales. Otro hongo, '*Metarhizium anisopliae*', en estudios de campo redujo entre 64 y 100 % la población larvaria de garrapatas en las praderas. Asimismo, '*M. anisopliae*' e '*Isaria fumosorosea*' demostraron controlar la mosca '*Haematobia irritans*' en un 94-100 % y 90-98 %, respectivamente. En este documento se discute la manera que los hongos producen daños a los parásitos y su futuro uso en el control integrado de parásitos en la ganadería de los rumiantes.

Palabras clave: Antagonistas; Bovinos; Garrapatas; Ovinos; Moscas.

Abstract

Fungi are living organisms with some species that act as natural enemies of livestock parasites and can be used to control populations of ticks, flies and gastrointestinal worms. The control of gastrointestinal nematodes with the microfungus, '*Duddingtonia flagrans*', reduces the parasitic burden of grasslands by trapping and feeding the infective larvae of gastrointestinal worms. Another fungus, '*Metarhizium anisopliae*', in field studies reduced the larval tick population in grasslands by 64-100 %. Likewise, '*M. anisopliae*', and '*Isaria fumosorosea*' were shown to control the horn fly '*Haematobia irritans*' by 94-100 % and 90-98 %, respectively. This document discusses how fungi damage parasites and its future use in an integrated parasite control in ruminant livestock.

Keywords: Antagonist; Cattle; Ticks; Fly; Sheep.

El control biológico de plagas y de parásitos consiste en el uso de enemigos naturales para atacar poblaciones de organismos que afectan a cultivos y animales, entre los cuales están los virus, bacterias y parásitos. El objetivo del uso de los enemigos naturales o antagonistas, es disminuir y mantener la densidad de la población problema a un nivel más bajo del que ocurriría en su ausencia (Rodríguez, Torres, Cruz, Almazán, Alcalá, Alonso, Chan, Domínguez, Fernández, Figueroa, Galindo, Lagunes, López, Martínez, Martínez, Mendoza, Ojeda, Ortega, Rosario, Rosado, Torres & Vitela, 2018; Szewc, De Waal & Zintl, 2021).

Los enemigos naturales son una alternativa a los métodos de control químico tradicionales en los sistemas de producción de bovinos, ovinos e incluso búfalos (Rodríguez *et al.*, 2018; Ojeda-Robertos, Aguilar-Marcelino, Olmedo-Juárez, Luna-Palomera, Peralta-Torres, López-Arellano & Mendoza-de Gives, 2019). Para que un organismo sea considerado como candidato para el control biológico debe cumplir los siguientes requisitos: ser inocuo al ambiente, para la salud de los animales y del ser humano; que no rompa el equilibrio natural del ecosistema, y que sea de bajo costo.

Los parásitos, son organismos que se alimentan y dependen de otro organismo para sobrevivir y continuar con su vida, desarrollo y reproducción. Existen diferentes tipos de parásitos, —y para fines prácticos— se clasifican de acuerdo al lugar donde ejercen su acción negativa en: *parásitos internos*, que son los que están dentro del cuerpo del animal; y *parásitos externos*, que se ubican fuera del animal (Quiroz, Figueroa, Ibarra & López, 2011) (fotografía 1 y 2).

Los nematodos gastrointestinales (NGI), son gusanos redondos que se localizan dentro de los animales (parásitos internos); las garrapatas y moscas (parásitos externos), se alimentan y consumen los nutrientes que el animal utilizaría para vivir, crecer y producir carne o leche. Cada tipo de parásito, dependiendo del género y especie consumirá nutrientes del lugar donde se encuentren; por ejemplo, algunos consumen mucosa, el contenido intestinal o gástrico, los productos de la digestión de los alimentos o sangre (hematófagos) del animal en el que habitan (Saito, Bechara, Nunes, de Oliveira, Denardi & Camargo, 2005; Zajac & Garza, 2020). Es en esta etapa de la vida parásita, donde estos ocasionan problemas de salud en los animales, entre los que se encuentran la pérdida de peso, disminución en la producción de leche, disminución en su habilidad reproductiva y en casos severos la muerte del animal (Hoste, Sotiraki, Landau, Jackson & Beveridge, 2010).

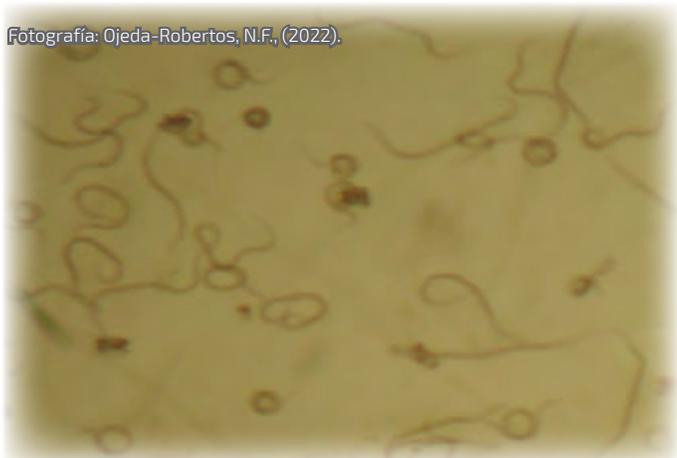
Es por eso, que para disminuir los problemas que causan estos parásitos, se utilizan productos químicos para controlar su presencia y daños; sin embargo, debido al uso desmedido e inadecuado de estos productos, se ha originado un problema de distribución mundial (Torres-Acosta, Mendoza-de Gives, Aguilar-Caballero & Cuéllar-Ordaz, 2012); este grave problema es conocido como <resistencia parasitaria> el cual consiste en que el nematodo, mosca o garrapata es capaz de resistir a la dosis del producto químico que debería ocasionar su muerte, dificultando el control eficaz del parásito (Kotze & Prichard, 2016; Herrera-Manzanilla, Ojeda-Robertos, González-Garduño, Cámara-Sarmiento & Torres-Acosta, 2017).

«El control biológico o actualmente llamado biocontrol, es aquel que manejo de plagas y malas hierbas por otros seres vivos, generalmente insectos, bacterias, virus, o por productos biológicos como las hormonas»

Lawrence (2003, p. 148)
(2014, p. 137)



Fotografía 1. Proceso de oviposición de huevos de garrapatas en el laboratorio.



Fotografía 2. Larvas infectantes de gusanos gastrointestinales que afectan a rumiantes.

Ante este escenario, se han propuesto nuevas alternativas de control, entre las que se encuentran el uso de los enemigos naturales de los parásitos. Estas alternativas han sido utilizadas con éxito en varias partes del mundo y también en nuestro país (Rodríguez *et al.*; Ojeda-Robertos *et al.*, 2019).

Los hongos se dividen y nombran de acuerdo a el tipo de organismo que atacan o invaden para nutrirse, para adquirir nutrientes y sobrevivir. Existen unos hongos que utilizan a los estadios de larva de los gusanos gastrointestinales como fuente de alimento y uno de los más estudiados es '*Duddingtonia flagrans*', el cual, se ha utilizado para reducir la población de larvas de los gusanos en el pastizal (Paraud & Chartier, 2003; Canhão-Diaz, Paz-Silva, Madeira de Carvalho, 2020). El uso de '*D. flagrans*' se basa en la administración oral de las esporas del hongo a los animales productivos, para disminuir la contaminación larvaria del forraje y con eso evitar que los rumiantes en pastoreo se parasiten (Paraud, Pors & Chartier, 2004). Las clamidosporas (estructuras de resistencia y latencia) de este hongo tienen la capacidad de: 1) sobrevivir al paso del tracto gastrointestinal de rumiantes (Ojeda-Robertos, Torres-Acosta, Aguilar-Caballero, Ayala-Burgos, Cob-Galera, Sandoval-Castro, Barrientos-Medina & Mendoza, 2008); 2) germinar y colonizar el excremento fresco después de su paso por el sistema digestivo del animal, y 3) formar trampas, para atrapar y alimentarse de las larvas infectantes de los parásitos antes de que abandonen las heces y sean consumidas por los rumiantes (Ojeda-Robertos, Mendoza-de Gives, Torres-Acosta, Rodríguez-Vivas & Aguilar-Caballero, 2005; Ojeda-Robertos, Torres-Acosta, Ayala-Burgos, Sandoval-Castro, Valero-Coss & Mendoza-de Gives, 2009) (fotografía 3).

La administración oral de las clamidosporas del hongo '*D. flagrans*' han sido usadas para reducir la contaminación de los pastizales con larvas infectantes de nematodos gastrointestinales (NGI). Se ha mostrado en estudios de laboratorio y de campo, que el hongo es capaz de controlar los parásitos de distintas especies animales como los ovinos, bovinos (Waghorn, Leathwick, Chen & Skipp, 2003), caprinos (Ojeda-Robertos *et al.*, 2005) e incluso búfalos (Ojeda-Robertos *et al.*, 2019) (tabla 1).

El control biológico de garrapatas y moscas se define como el uso de organismos vivos capaces de desarrollarse, invadir y nutrirse de estos artrópodos o de sus estadios larvarios. Se usa en la ganadería bovina como una alternativa para aminorar la presencia de la resistencia de las garrapatas a los productos químicos comerciales,

además de que permite el uso de alternativas biológicas amigables con el ambiente, con los animales hospederos y además se adapta a la visión de un sistema sostenible (Roy & Pell, 2000).

A nivel mundial se conocen más de 700 especies de hongos que pueden actuar como enemigos naturales de algunos patógenos, de los cuales, los más usados en la ganadería bovina para el control de garrapatas son '*Metarhizium anisopliae*', '*Cordyceps (Beauveria) bassiana*', e '*Isaria fumosoroseus*'. El control biológico de garrapatas con '*M. anisopliae*' (fotografía 4) ha demostrado su capacidad bio-reguladora de las garrapatas '*Rhipicephalus microplus*', '*Ixodes scapularis*' y '*Amblyomma variegatum*' (Rodríguez et al.).

La forma en que '*M. anisopliae*' produce daño y muerte a la garrapata '*R. microplus*' sucede en seis etapas (Ojeda-Chi, Rodríguez-Vivas, Galindo-Velasco, Lezama-Gutiérrez & Cruz-Vazquez, 2011; Beys-da Silva, Rosa, Berger, Coutinho-Rodrigues, Vainstein, Schrank, Bittencourt & Santi, 2020), las cuales se describen brevemente a continuación (figura 1):

- 1) Adhesión de las esporas al cuerpo de la garrapata;
- 2) Penetración de las esporas;
- 3) Invasión; el hongo se disemina vía hemolinfa y produce blastosporas y cuerpos filamentosos de hifas que invaden el sistema inmune del hospedero y se multiplican rápidamente en los tejidos. Además producen toxinas (destruxinas y citocalacinas) que causan la muerte de la garrapata y sus huevos;
- 4) Colonización del cuerpo de la garrapata;
- 5) Muerte de la garrapata, y
- 6) Emergencia de estructuras del hongo sobre la epicutícula (capa externa del revestimiento corporal) de la garrapata.

En el trópico mexicano, el hongo '*M. anisopliae*', en estudios de campo controlados, ha demostrado su excelente capacidad y eficacia al reducir del 64 al 100 %, el número de larvas de garrapatas '*R. microplus*' (Ojeda-Chi, Rodríguez-Vivas, Galindo-Velasco & Lezama-Gutiérrez, 2010; Beys da Silva et al., 2020), también se ha probado su eficacia para el control de las garrapatas adultas, al reducir del 40 al 90 % la cantidad de garrapatas en bovinos infestados naturalmente con los parásitos (Alonso-Díaz, García, Galindo-Velasco, Lezama-Gutiérrez, Angel-Sahagún, Rodríguez-Vivas & Fragoso-Sánchez, 2007).

Tabla 1. Eficacia de reducción de '*Duddingtonia flagrans*' para controlar gusanos en diferentes especies animales.

Especie	Eficacia de reducción (%)	Autores
Bovinos	90	Dimander et al., 2003
Caprinos	53	Ojeda-Robertos et al., 2005
Ovinos y caprinos	40-93	Waghorn et al., 2003
Caprinos	84	Paraud & Chartier, 2003
	86-96	Paraud et al., 2004
Búfalos	86-100	Ojeda-Robertos et al., 2019



Fotografía 3. Larvas de nematodos gastrointestinales de ovinos, atrapados por las microtrampas del hongo '*Duddingtonia flagrans*' (flechas).

Fotografía: Rodríguez-Vivas, I., (2022).



Fotografía 4. Garrapata hembra adulta repleta de *Rhipicephalus microplus* afectada por el hongo *Metarhizium anisopliae*.

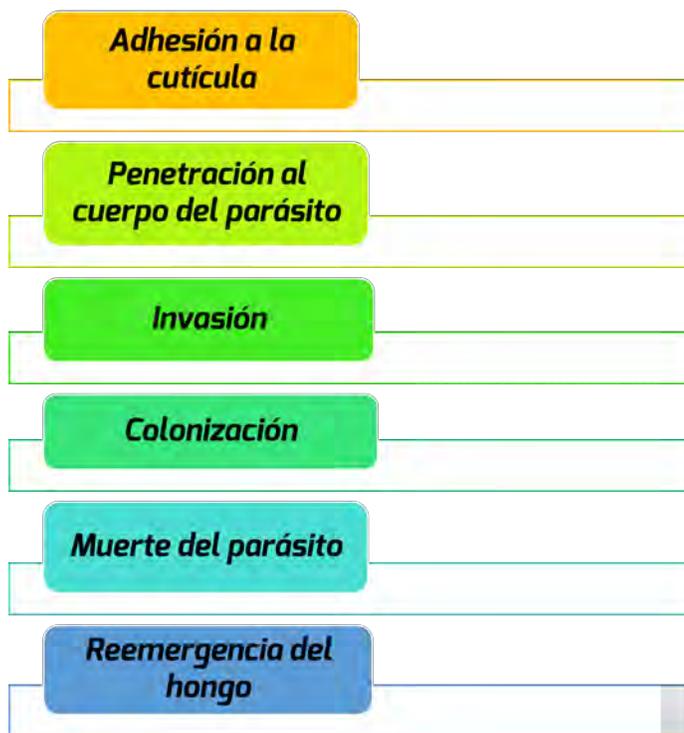


Figura 1. Mecanismo general de la invasión de los hongos para nutrirse de los parásitos y controlar su población.

También se han utilizado los hongos '*M. anisopliae*' e '*I. fumosorosea*' para el control de moscas adultas de '*Haematobia irritans*' (mosca de los cuernos), y se ha reportado, en estudios de laboratorio controlados que son capaces de reducir la cantidad de moscas adultas en un 90 a 98 % (Lohmeyer & Miller, 2006; Galindo-Velasco, Lezama-Gutiérrez, Cruz-Vázquez, Pescador-Rubio, Ángel-Sahagún, Ojeda-Chi, Rodríguez-Vivas & Contreras-Lara, 2015).

De la misma forma, a nivel de campo se ha demostrado en estudios controlados, que, al aplicar una solución acuosa del hongo, puede controlar hasta en un 60 % la infestación por moscas en ganado bovino (Cruz-Vázquez, Carvajal, Lezama, Vitela-Mendoza & Ángel-Sahagún 2017). El mecanismo mediante el cual estos hongos controlan la población de las moscas, es el mismo que se ha descrito para las garrapatas, en el que ocurren los procesos de adhesión hasta su reemergencia del cuerpo del ectoparásito.

La interacción entre los hongos y las poblaciones parasitarias no implica de ninguna forma simplicidad, ya que existen factores bióticos, como la temperatura y humedad que influyen directamente en la velocidad en que ocurre esta interacción. Es importante señalar que se requiere de una perfecta sincronización entre el ciclo de vida del parásito (nematodos, garrapatas, moscas) y el hongo. Lo anterior, es una desventaja que reduce su eficacia a nivel de campo, sin embargo, los beneficios que implican su uso son mayores.

Las vías de aplicación del hongo a los animales parasitados varían dependiendo del tipo de parásito (interno o externo), las dosis y la hora del día que deben ser aplicadas, esto para maximizar el efecto del antagonismo natural entre estos dos organismos, siendo también factores de gran importancia para el control exitoso. Desafortunadamente en México, no existen productos comerciales que contengan a los hongos nematófagos y entomopatógenos como principio activo; sin embargo, antes de implementar su uso rutinario en la ganadería de los rumiantes, serán necesarios estudios que avalen su capacidad en cada región para ser utilizados como parte de los programas integrados de control de parásitos (fotografía 5).

El uso de '*D. flagrans*', '*M. anisopliae*', '*C. (B.) bassiana*' e '*I. fumosoroseu*', es factible y debe ser considerada para realizar el control integrado por medio de aplicaciones estratégicas, dependiendo de la época del año y de la carga parasitaria en los animales.



Fotografía 5. Especies de rumiantes donde se ha usado el control de parásitos mediante el uso de hongos nematófagos y entomopatógenos.

Sin duda, uno de los más importantes beneficios de estos hongos, es que son útiles para minimizar el uso de los productos químicos y además contribuyen a la producción sustentable y ecológica.

Conclusión

Lo anterior ha puesto de manifiesto la importancia y la capacidad de los hongos enemigos naturales de los nematodos, garrapatas y moscas para ser utilizados en el control de plagas parasitarias que afectan a los rumiantes de las zonas tropicales. Es evidente que son una alternativa natural para realizar el control integrado de los parásitos comunes de los rumiantes.

Desafortunadamente, estos hongos no se encuentran disponibles en el mercado mexicano para su uso comercial, pero se espera que en breve sirvan para el control sustentable de parásitos, que beneficien la salud, la productividad de los rumiantes y a la ganadería mexicana.

Referencias

Alonso-Díaz, M.A.; García, L.; Galindo-Velasco, E.; Lezama-Gutiérrez, R.; Ángel-Sahagún, C.A.; Rodríguez-Vivas, R.I. & Frago-Sánchez, H. (2007). Evaluation of '*Metarhizium anisopliae*' (Hyphomycetes) for the control of '*Boophilus microplus*' (Acari: Ixodidae) on naturally infested cattle in the Mexican tropics. *Veterinary Parasitology*, 147(3-4): 336-340. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2007.03.030>»

Beys-da Silva, W.O.; Rosa, R.L.; Berger, M.; Coutinho-Rodrigues, C.J.B.; Vainstein, M.H.; Schrank, A.; Bittencourt, V.R.E.P. & Santi, L. (2020). Updating the application of '*Metarhizium anisopliae*' to control cattle tick '*Rhipicephalus microplus*' (Acari: Ixodidae). *Experimental Parasitology*, 208: 107812. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.exppara.2019.107812>»

Canhão-Dias M.; Paz-Silva A. & Madeira de Carvalho, L.M. (2020). The efficacy of predatory fungi on the control of gastrointestinal parasites in domestic and wild animals - A systematic review. *Veterinary Parasitology*, 283: 109173. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2020.109173>»

Cruz-Vázquez, C.; Carvajal Márquez, J.; Lezama Gutiérrez, R.; Vitela-Mendoza, I. & Ángel-Sahagún, C.A. (2017). Efficacy of '*Metarhizium anisopliae*' in the control of the horn fly, '*Haematobia irritans*' (Diptera: Muscidae), under natural infestation conditions. *Veterinaria México OA*, 4(2): 1-10. DOI «<http://dx.doi.org/10.21753/vmoa.4.2.384>»

Dimander, S.O.; Höglund, J.; Ugglå, A.; Spörndly, E. & Waller, P.J. (2003). Evaluation of gastro-intestinal nematode of parasite control strategies for first-season grazing cattle in Sweden. *Veterinary Parasitology*, 111(2-3): 193-209. DOI «[https://doi.org/10.1016/S0304-4017\(02\)00380-1](https://doi.org/10.1016/S0304-4017(02)00380-1)»

Galindo-Velasco, E.; Lezama-Gutiérrez, R.; Cruz-Vázquez, C.; Pescador-Rubio, A.; Ángel-Sahagún, C.A.; Ojeda-Chi, M.M.; Rodríguez-Vivas, R.I. & Contreras-Lara, D. (2015). Efficacy of entomopathogenic fungi (Ascomycetes: Hypocreales) against adult '*Haematobia irritans*' (Diptera: Muscidae) under stable conditions in the Mexican dry tropics. *Veterinary Parasitology*, 209(3-4): 173-178. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2015.02.025>»

Herrera-Manzanilla, F.A.; Ojeda-Robertos, N.F.; González-Garduño, R.; Cámara-Sarmiento, R. & Torres-Acosta, J.F.J. (2017). Gastrointestinal nematode populations with multiple anthelmintic resistance in sheep farms from the hot humid tropics of Mexico. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, 9: 29-33. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2017.04.007>»

Hoste, H.; Sotiraki, S.; Landau, S.Y.; Jackson, F. & Beveridge, I. (2010). Goat-nematode interactions: think differently. *Trends in Parasitology*, 26(8): 376-381. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.pt.2010.04.007>»

Kotze A.C. & Prichard R.K. (2016). Anthelmintic resistance in '*Haemonchus contortus*': history, mechanisms and diagnosis. *Advances in Parasitology*, 93: 397-428. DOI «<https://doi.org/10.1016/bs.apar.2016.02.012>»

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.

Lohmeyer K.H. & Miller, J.A. (2006). Pathogenicity of three formulations of entomopathogenic fungi for control of adult '*Haematobia irritans*' (Diptera: Muscidae). *Journal of Economic Entomology*, 99(6): 1943-1947. DOI «<https://doi.org/10.1093/jee/99.6.1943>»

Ojeda-Chi, M.M.; Rodríguez-Vivas R.I.; Galindo-Velasco E.; Lezama-Gutiérrez R. & Cruz-Vázquez, C. (2011). Control de '*Rhipicephalus microplus*' (Acari: ixodidae) mediante el uso del hongo entomopatógeno '*Metarhizium anisopliae*' (Hipoconales: Clavicipitaceae): revisión. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 2(2): 177-192. Recuperado el 26 de abril del 2021 de «http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-11242011000200005&lng=es&tlng=es»

Ojeda-Chi, M.M.; Rodríguez-Vivas, R.I.; Galindo-Velasco, E. & Lezama-Gutiérrez, R. (2010). Laboratory and field evaluation of '*Metarhizium anisopliae*' (Deuteromycotina: Hyphomycetes) for the control of '*Rhipicephalus microplus*' (Acari: Ixodidae) in the Mexican tropics. *Veterinary Parasitology*, 170(3-4): 348-354. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2010.02.022>»

Ojeda-Robertos, N.F.; Torres-Acosta, J.F.; Ayala-Burgos, A.J.; Sandoval-Castro, C.A.; Valero-Coss, R.O. & Mendoza-de Gives, P. (2009). Digestibility of '*Duddingtonia flagrans*' chlamydospores in ruminants: *in vitro* and *in vivo* studies. *BMC Veterinary Research*, 5(46): 1-7. DOI «<https://doi.org/10.1186/1746-6148-5-46>»

Ojeda-Robertos, N.F.; Aguilar-Marcelino, L.; Olmedo-Juárez, A.; Luna-Palomera, C.; Peralta-Torres, J.A.; López-Arellano, M.E. & Mendoza-de Gives, P. (2019). *in vitro* predatory activity of nematophagous fungi isolated from water buffalo feces and from soil in the Mexican southeastern. *Brazilian Journal of Veterinary Parasitology*, 28(2): 314-319. DOI «<https://doi.org/10.1590/S1984-29612019011>»

Ojeda-Robertos, N.F.; Mendoza-de Gives, P.; Torres-Acosta, J.F.; Rodríguez-Vivas, R.I. & Aguilar-Caballero, A.J. (2005). Evaluating the effectiveness of a Mexican strain of '*Duddingtonia flagrans*' as a biological control agent against gastrointestinal nematodes in goat faeces. *Journal of Helminthology*, 79(2): 151-157. DOI «<https://doi.org/10.1079/joh2005283>»

Ojeda-Robertos, N.F.; Torres-Acosta, J.F.J.; Aguilar-Caballero, A.J.; Ayala-Burgos, A.; Cob-Galera, L.A.; Sandoval-Castro, C.A.; Barrientos-Medina, R.C. & Mendoza de Gives, P. (2008). Assessing the efficacy of '*Duddingtonia flagrans*' chlamydospores per gram of faeces to control '*Haemonchus contortus*' larvae. *Veterinary parasitology*, 158(4): 329-335. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2008.08.022>»

Paraud, C. & Chartier, C. (2003). Biological control of infective larvae of a gastrointestinal nematode ('*Teladorsagia circumcincta*') and a small lungworm ('*Muellerius capillaris*') by '*Duddingtonia flagrans*' in goat faeces. *Parasitology Research*, 89(2): 102-106. DOI «<https://doi.org/10.1007/s00436-002-0717-1>»

Paraud, C.; Pors, I. & Chartier, C. (2004). Activity of '*Duddingtonia flagrans*' on '*Trichostrongylus colubriformis*' larvae in goat feces and interaction with a benzimidazole treatment. *Small Ruminant Research*, 55(1-3): 199-209. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2003.12.005>»

Quiroz Romero, H.; Figueroa Castillo, J.A.; Ibarra Velarde, F. & López Arellano, M.E. (Eds.) (2011). *Epidemiología de enfermedades parasitarias en animales domésticos* (p. 642). México: Centro de Investigaciones sobre Enfermedades Infecciosas, Instituto Nacional de Salud Pública; Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP); Comisión México Americana para la Erradicación del Gusano Barrenador del Ganado (COME XA); Instituto Tecnológico de Sonora; Centro Nacional de Servicios de Constatación en Salud Animal; Universidad Autónoma de Querétaro; Universidad Autónoma de Tamaulipas; Universidad Autónoma de Yucatán (UADY); Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey (ITESM); Universidad Autónoma de Baja California; Universidad Autónoma Metropolitana (UAM). ISBN: 978-607-00-4015-3 (versión electrónica CD-ROM). Recuperado de «<https://acortar.link/wJZCgp>»

Rodríguez Vivas, R.I.; Torres Acosta, J.F.J.; Cruz Vázquez, C.; Almazán García, C.; Alcalá Canto, Y.; Alonso Díaz, M.A.; Chan Pérez, J.I.; Domínguez García, D.I.; Fernández Salas, A.; Figueroa Castillo, J.A.; Galindo Velasco, E.; Lagunes Quintanilla, R.E.; López Arellano, M.E.; Martínez Ibáñez, F.; Martínez Ortíz de Montellano, C.; Mendoza de Gives, P.; Ojeda Robertos, N.F.; Ortega Pacheco, A.; Rosario Cruz, R.; Rosado Aguilar, J.A.; Torres Rodríguez, L. & Vitela Mendoza, I. (2018). Epidemiología y control de garrapatas, moscas y nematodos gastrointestinales que afectan a los bovinos en México. En: González Padilla, E. & Dávalos Flores, J.L. (Coords.); *Estado del arte sobre investigación e innovación tecnológica en ganadería bovina tropical* (Libro técnico, 2ª ed.; pp: 255-271). México: Red de Investigación e Innovación Tecnológica para la Ganadería Bovina Tropical (REDGATRO); Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM); Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP); Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Recuperado de «https://redgatro.fmvz.unam.mx/docs/Estado_arte.pdf»

Roy, H.E. & Pell, J.K. (2000). Interactions between entomopathogenic fungi and other natural enemies: implications for biological control. *Biocontrol Science and Technology*, 10(6): 737-752. DOI «<https://doi.org/10.1080/09583150020011708>»

Saito, K.C.; Bechara, G.H.; Nunes, E.T.; de Oliveira, P.R.; Denardi, S.E. & Camargo Mathias, M.I. (2005). Morphological, histological, and ultrastructural studies of the ovary of the cattle-tick '*Boophilus microplus*' (Canestrini, 1887) (Acari: Ixodidae). *Veterinary Parasitology*, 129(3-4): 299-311. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2004.09.020>»

Szewc, M.; De Waal, T. & Zintl, A. (2021). Biological methods for the control of gastrointestinal nematodes. *Veterinary Journal*, 268: 105602. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2020.105602>»

Terrill, T.H.; Larsen, M.; Samples, O.; Husted, S.; Miller, J.H.; Kaplan, R.M. & Gelaye, S. (2004). Capability of the nematode-trapping fungus '*Duddingtonia flagrans*' to reduce infective larvae of gastrointestinal nematodes in goat faeces in the southeastern United States: dose titration and dose time interval studies. *Veterinary Parasitology*, 120(4): 285-296. DOI: «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2003.09.024>»

Torres-Acosta, J.F.J.; Mendoza-de Gives, P.; Aguilar-Caballero, A.J. & Cuéllar-Ordaz, J.A. (2012). Anthelmintic resistance in sheep farms: update of the situation in the American continent. *Veterinary Parasitology*, 189(1): 89-96. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2012.03.037>»

Waghorn, T.S.; Leathwick, D.M.; Chen, L.Y. & Skipp, R.A. (2003). Efficacy of the nematode-trapping fungus '*Duddingtonia flagrans*' against three species of gastro-intestinal nematodes in laboratory faecal cultures from sheep and goats. *Veterinary Parasitology*, 118(3-4): 227-234. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2003.09.018>»

Zajac, A.M. & Garza, J. (2020). Biology, epidemiology, and control of gastrointestinal nematodes of small ruminants. *Veterinary Clinics of North American: Food Animal Practice*, 36(1): 73-87. DOI «<https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2019.12.005>»



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.

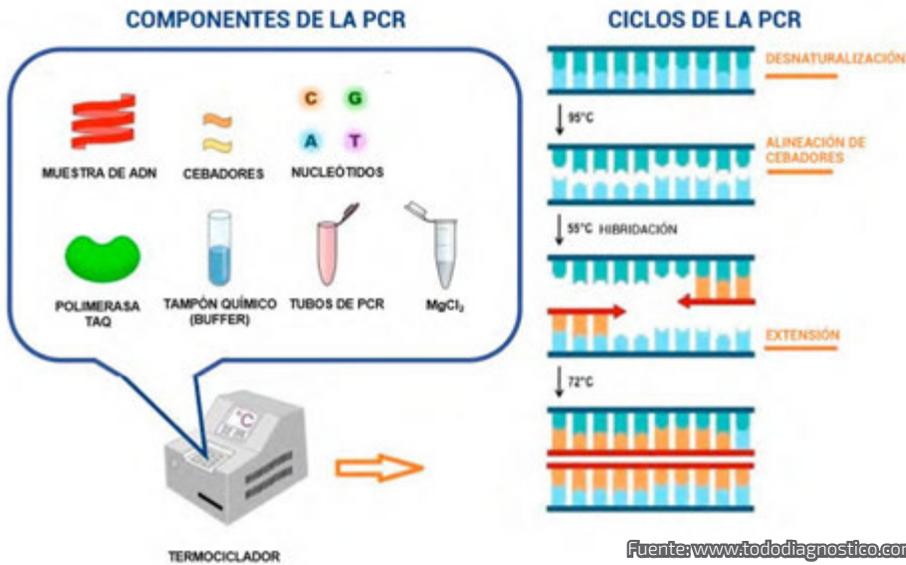


Figura 1. Esquema de los componentes y el funcionamiento de la Reacción en Cadena de la Polimerasa o PCR (Todo Diagnóstico, 2019).

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.

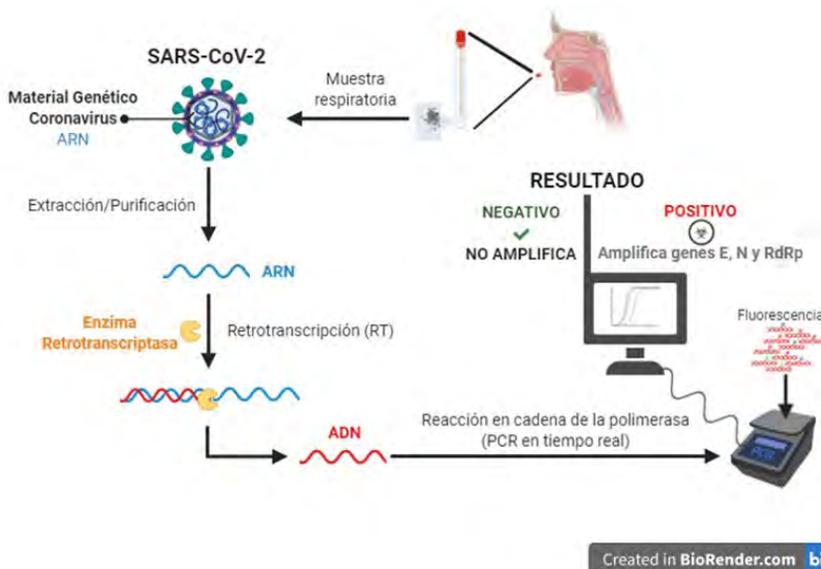
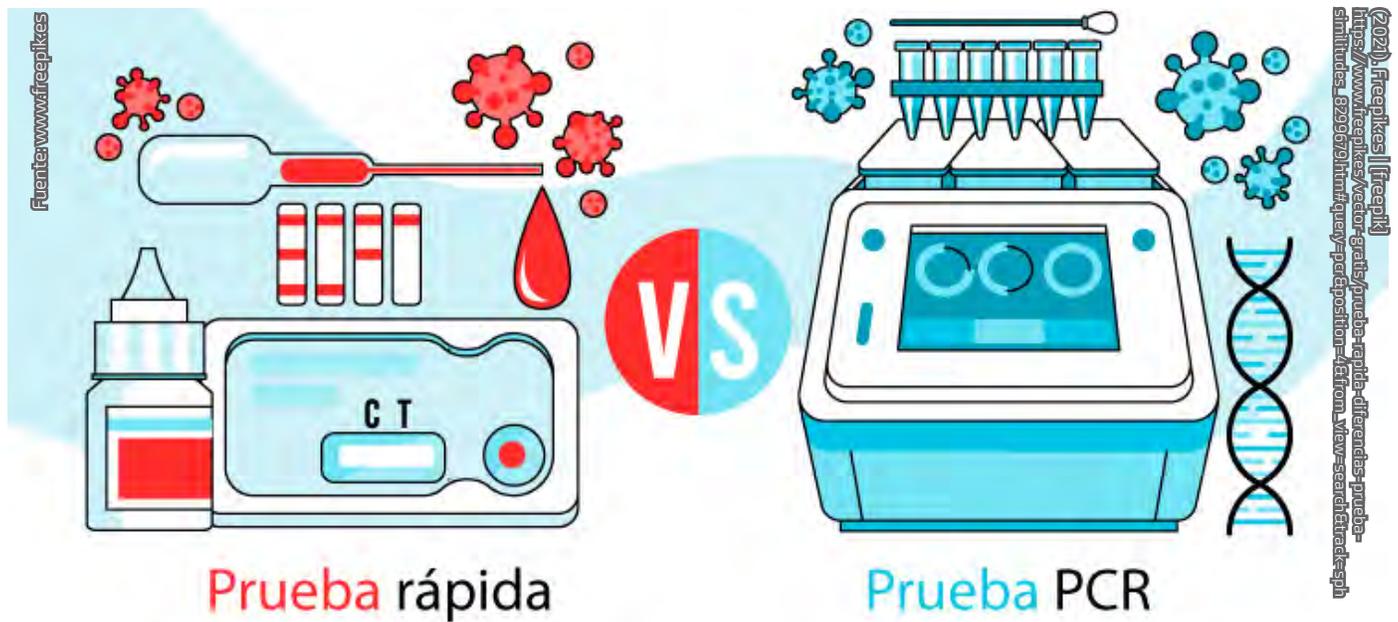


Figura 2. Diagrama resumido de la detección del virus SARS-CoV-2 (Villalobo, 2020). La imagen se generó con licencia académica «BioRender», que prohíbe expresamente el uso comercial de la misma.



(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 transcrito 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 Belloso, 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 microsatélites. *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. & Mammina, 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/invdisc/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>»



CLAVES DICOTÓMICAS: HERRAMIENTAS BÁSICAS PARA LA IDENTIFICACIÓN BIOLÓGICA

DICHOTOMOUS KEYS: BASIC TOOLS FOR BIOLOGICAL IDENTIFICATION

Carlos Manuel Burelo Ramos¹ & Marcela Alejandra Cid Martínez²✉

¹Biólogo por la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco (UJAT); Doctor en Sistemática por el Instituto de Ecología (INECOL A.C., Xalapa Veracruz). Su área de investigación es la flora de Tabasco, palinología, anatomía y filogenias. Actualmente, colaborador en el Herbario UJAT y profesor-investigador en la División Académica de Ciencias Biológicas (DACBio-UJAT). ²Bióloga por la UJAT; Maestra en Ciencias Biológicas con orientación en sistemática por el Instituto de Geología de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Especialista en palinología, aerobiología y síndrome del edificio enfermo. Actualmente profesora-investigadora de la División Académica de Ciencias Biológicas (DACBio) en la UJAT.

Herbario UJAT y el Centro de Investigación para la Conservación y Aprovechamiento de Recursos Tropicales (CICART); División Académica de Ciencias Biológicas (DACBio), 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.

✉ marcela.cid@ujat.mx

¹ 0000-0003-2977-1063 ² 0000-0002-9284-8927

Como referenciar:

Burelo Ramos, C.M. & Cid Martínez, M.A. (2022). Claves dicotómicas: herramientas básicas para la identificación biológica. *Kuxulkab'*, 28(61): 33-39, mayo-agosto. <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4600>

Disponible en:

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

DOI: <https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a28n61.4600>

Resumen

Una clave dicotómica es una secuencia organizada, de manera lógica, en la que se exponen características opuestas (duales) y excluyentes mediante el uso de caracteres morfológicos (micro y macro morfológicos, medidas morfométricas y caracteres merísticos) y el estado de estos; cuya utilidad es la identificación de manera precisa que se pretende sea de manera rápida de una especie o taxón específico. En este trabajo se exponen las características básicas para su elaboración y uso, como por ejemplo, el empleo de un vocabulario técnico sencillo, el empleo de gerundios y participios entre otras.

Palabras clave: Caracteres morfológicos; Nombrar taxas; Sistemática; Biodiversidad.

Abstract

A dichotomous key is a logically organized sequence, in which opposing (dual) and exclusive characteristics are exposed through the use of morphological characters (micro and macro morphological, morphometric measurements and meristic characters) and their state; whose usefulness is the accurate identification of a specific species or taxon that is intended to be rapid. In this work the basic characteristics for its elaboration and use are exposed, such as the use of a simple technical vocabulary, the use of gerunds and participles, among others..

Keywords: Morphological characters; Name taxa; Systematic; Biodiversity.

La sistemática podemos definirla como la ciencia que estudia las diferentes formas en la que se expresa la vida; su estudio tiene como objetivo descubrir y describir todas las especies que habitan o han habitado la Tierra; así como crear sistemas de clasificación (actividad propia de la práctica taxonómica) y generar hipótesis sobre las relaciones filogenéticas entre las especies. Todo ello, encaminado a documentar los cambios que han sufrido las especies en el transcurso de su travesía en el planeta.

La sistemática se apoya en la taxonomía e incluso podríamos decir que en un sentido amplio la sistemática incluye a la taxonomía, la cuál se encarga de describir, identificar y clasificar a los organismos en un sistema jerarquizado e inclusivo (Arija, 2012), y considerando que el número de especies sobre el planeta se estima entre los ocho a 100 millones y de las cuales conocemos 1.8 millones, podemos considerar que el estudio de la biodiversidad es un área rica en oportunidades de desarrollo (fotografía 1). La sistemática nos proporciona como productos taxonómicos las claves, que nos permiten poder identificar a las especies y por consiguiente ordenarlas jerárquicamente, en este escrito se describen y se establecen los lineamientos para la construcción y uso de las claves dicotómicas de identificación.

Un poco de historia

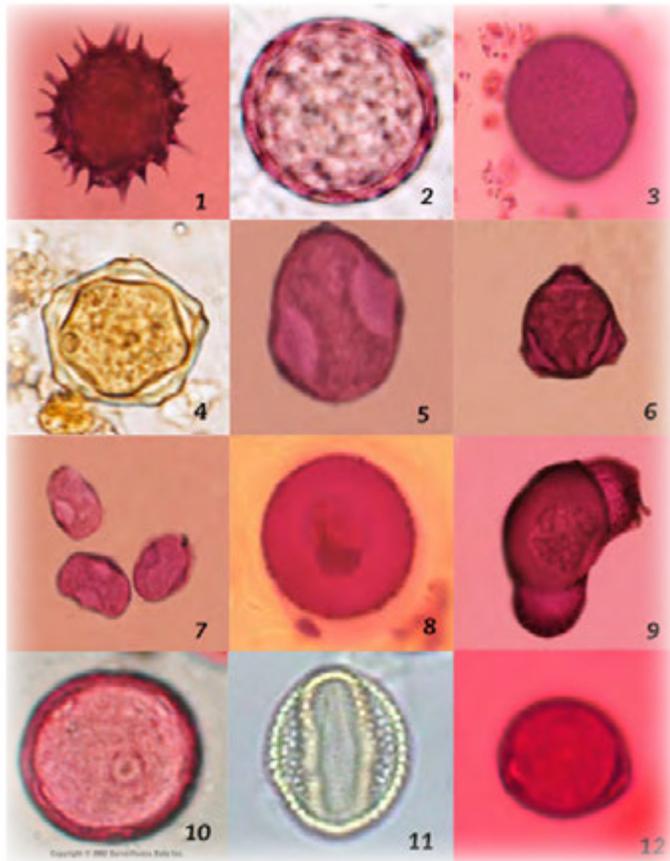
La identificación de las especies ha sido de suma importancia desde las primeras atapas de la humanidad y representa un desafío en cualquier trabajo de biología, ecología y disciplinas que su objeto de estudio sean las especies. Una correcta identificación de una planta podía ser la manera de obtener la salud y contrario a eso una mala identificación podría tener un trágico final; en cuestiones de conservación, la incorrecta identificación de especies en peligro de extinción o bajo alguna categoría de riesgo, puede provocar que se desarrollen actividades humanas que degraden el ambiente donde distribuya la especie, sin ninguna posibilidad de protección, por lo que los conservacionistas y autoridades federales encargadas de aplicar las leyes en la materia, deben de contar con herramientas para la correcta identificación de las especies.

Aunque en la actualidad existen propuestas como los códigos de barras genéticos que mediante una célula y el uso de un lector (similar al usado en los supermercados) tendrá la capacidad de identificar la especie de la que procede dicha célula, o más recientemente las aplicaciones (comumente llamadas "Apps") basadas en inteligencia artificial y desarrolladas con la finalidad de identificar a partir de fotografías del individuo en cuestión de manera rápida, eficiente y confiable (según el desarrollador). En ambos casos hay evidencia que puede indicar un grado de exactitud en la determinación de la especie (lo que sobrepasa el imaginario colectivo), consideramos que estos dos proyectos aún se encuentra muy lejano de la realidad (Morales, 2019) y que en ningún momento sustituirán el uso de claves taxonómicas de identificación.

En el sentido estricto de la taxonomía, es mediante el uso de las claves taxonómicas de identificación la manera científica que brinda la mayor certeza al asignar a un ejemplar su pertenencia cualquiera de las categorías taxonómicas, principalmente especie, género o familia. Muchas veces se cae en el error de que una clave dicotómica es perfecta para quien la elaboró, pero no para quien

«La sistemática se refiere al estudio de la identificación, de la taxonomía y nomenclatura de los organismos, incluyendo la clasificación de los seres vivos en relación con sus parentescos naturales y el estudio de la variación y evolución de los taxones»

Lawrence (2003, p. 583)
(2014, p. 531)



Fotografía 1. Diversidad biológica polínica del aire (Cid *et al.*, 2018).

la aplicará, por esa razón, este documento pretende definir que son las claves dicotómicas de identificación, explicar su estructura y su uso con la finalidad de lograr que los usuarios de estas herramientas puedan usarlas eficientemente y en su caso su correcta construcción.

¿Cómo definimos una clave dicotómica de identificación taxonómica?

Las claves dicotómicas son herramientas taxonómicas, las cuales nos permiten identificar ejemplares biológicos, a cualquier nivel taxonómico, aunque las más comunes son a nivel de familias, géneros y especies.

Están estructuradas en dos oraciones excluyentes y contrapuestas (de ahí el termino dicotómicas) identificadas con el mismo número y que llamaremos criterios de identificación. Estos criterios enlistan estados

de caracteres descriptivos morfológicos, ya sean macro o micromorfológicos, que hacen referencia a características distintivas por ejemplo, la forma de la aleta caudal, tipo de margen de la hoja; medidas morfométricas, como las variables numéricas continuas, esto se puede notar en la longitud de los cuernos de la cabeza, tamaño de las semillas o caracteres merísticos, que describen las variables numéricas discontinuas, por ejemplo el número semillas por lóculo, número de folíolos en la hoja. Estos caracteres pueden obtenerse de disecciones anatómicas y de tejidos, igualmente pueden incluir caracteres etológicos, biogeográficos y cualquier otro carácter considerado útil para la diferenciación de las entidades (Watson & Miller, 2009).

Cuando se pretende identificar un espécimen, se analizan los criterios de identificación de la clave y se selecciona aquella que enuncie los caracteres que se observan en el espécimen, esta proposición elegida remite mediante un número en el margen derecho, a otras dos alternativas entre las que se tiene que volver a realizar el mismo proceso de exclusión y elección, así se va progresando hasta llegar a una determinación final (tabla 1).

Durante este proceso, si observamos que nuestro ejemplar no coincide con ninguna de las características descritas en las dos proposiciones del siguiente nivel, puede ser que se haya cometido un error al seguir la clave; entonces hay que reevaluar los caracteres y retroceder en la clave hasta identificar el criterio que se eligió erróneamente, o bien, empezar de nuevo el seguimiento de la clave. Si observamos que no cometimos ningún error y seguimos en la misma encrucijada, es probable que se esté ante una especie que no se conocía en la zona de estudio o fuese una entidad nueva para la ciencia (Watson & Miller; Zárate, Mori, Ramírez, Dávila, Gallardo & Cohello, 2015; Morales, 2019).

Es importante señalar que es recomendable el uso de claves locales y, en caso de no existir éstas, lo mejor es usar claves de regiones geográficas vecinas a la zona de estudio o bien claves globales; en ambos casos es necesario un análisis minucioso de los caracteres que favorezcan la toma de decisiones.

Consideraciones para seleccionar o hacer una buena clave

Es importante indicar que los caracteres a incluir en los criterios de identificación, sean lo más distinguible posible, esto para evitar utilizar terminología ambigua,

Tabla 1. Ejemplo de construcción de una clave dicotómica: «Clave para la identificación de las Cactaceae en Tabasco» (Campos, Burelo & Arias, 2020).

1a.	Plantas terrestres	2
1b.	Plantas epífitas	5
2a.	Tallos angulados, con 3-7 costillas	' <i>Acanthocereus tetragonus</i> ' (L.) Hummelinck
2b.	Tallos aplanados	3
3a.	Tallos con lobos, 11-16 cm de largo, sin gloquidios, flor 30 cm de largo, nocturnas	' <i>Epiphyllum chrysocardium</i> ' Alexander
3b.	Tallos sin lobos, con gloquidios, flores 5-9 cm de largo, diurnas	4
4a.	Flor con tépalos rojo escarlata, estilo rosado, filamentos rosados	' <i>Opuntia cochenillifera</i> ' (L.) Miller
4b.	Flor con tépalos amarillos, estilo blanco, filamentos verde-amarillentos	' <i>Opuntia stricta</i> ' (Haw.) Haworth
5a.	Ramas aplanadas (filocladios)	6
5b.	Ramas cilíndricas	11
6a.	Margen del filocladio con lobos 2.5-4.5 cm, ápice redondeado, espinas rígidas, fruto verde	' <i>Selenicereus anthonyanus</i> ' (Alexander) D.R. Hunt
6b.	Margen del filocladio sin lobos	7
7a.	Flor 13-22 cm de largo, filocladios lineares a obtusos, margen crenado a serrado, ápice acuminado u obtuso	8
7b.	Flor 1.2-12 cm de largo, filocladios lanceolados a lineares, margen serrado, crenado, obtusamente serrado, ápice acuminado, agudo u obtuso	9
8a.	Flor con estilo color rosa magenta, anteras café	' <i>Epiphyllum hookeri</i> ' Haworth subsp. <i>hookeri</i>
8b.	Flor con estilo color amarillo claro a blanquecino, anteras amarillas	' <i>Epiphyllum hookeri</i> ' subsp. <i>guatemalense</i> (Britton & Rose) Ralf Bauer
9a.	Pericarpelo con podarios (costillas) que llegan a la base del perianto	' <i>Epiphyllum hookeri</i> ' subsp. <i>pittieri</i> (F.A.C. Weber) Ralf Bauer
9b.	Pericarpelo sin podarios	10
10a.	Flor 10-12 cm de largo, tépalos internos blancos, anteras blancas	' <i>Epiphyllum pumilum</i> ' Britton & Rose
10b.	Flor hasta 1.2 cm de largo, tépalos internos rosados o amarillo-verdosos, anteras amarillas	' <i>Kimnachia ramulosa</i> ' (Salm-Dyck) S. Arias & N. Korotkova
11a.	Tallos teretes, flor 0.2-0.22 cm de largo, sin espinas y sin pelos	' <i>Rhipsalis baccifera</i> ' (Sol.) Stearn
11b.	Tallos angulados, flor mayor a 12 cm de largo, con espinas y pelos	12
12a.	Flor con el pericarpelo sin pelos	13
12b.	Flor con el pericarpelo con pelos	14
13a.	Flor ca. 13 cm de largo, pericarpelo con espinas, fruto rojo	' <i>Selenicereus nelsonii</i> ' Britton & Rose
13b.	Flor 17-33 cm de largo, pericarpelo sin espinas, fruto rosado	' <i>Selenicereus undatus</i> ' (Haw.) D.R. Hunt
14a.	Fruto verde o amarillo, tallos fuertemente adheridos al hospedero, con mirmecofilia debajo de la costilla adherida al hospedero	' <i>Deamia testudo</i> ' Britton & Rose
14b.	Fruto rojo o rosado, tallos ligeramente adheridos al hospedero, sin mirmecofilia	15

15a.	Tallos con espinas 0-6, flor con filamento verdoso a amarillo-verdoso	<i>'Selenicereus pteranthus'</i> (Link ex A. Dietr.) Britton & Rose
15b.	Tallos con espinas 6-18, flores con filamento blanco	16
16a.	Espinas rígidas, no adpresas al tallo, tépalos externos castaño-bronceados, anaranjado-rosados o verde- amarillentos	<i>'Selenicereus grandiflorus'</i> (L.) Britton & Rose subsp. <i>grandiflorus</i>
16b.	Espinas setosas, adpresas al tallo, tépalos externos verde-rojizos o pardo-rojizos	<i>'Selenicereus grandiflorus'</i> subsp. <i>donkelaarjii</i> (Salm-Dyck) Ralf Bauer

por ejemplo café claro "versus (vs.)" café, con manchas circulares "versus (vs.)" con manchas semicirculares (Zárate *et al.*, 2015; Morales, 2019). Deben usarse términos concretos y de manera uniforme en la clave, evitando el empleo de palabras o términos sinónimos para referirse a un mismo carácter o bien términos rebuscados que al final confundan a quienes utilicen la clave. Si no se comprende lo que solicita la clave, hay que evitar proseguir hasta no comprenderlo plenamente; una decisión errónea conllevará a una mala determinación de la identidad del material en estudio.

En caracteres merísticos (aquellos que se miden), es recomendable no usar: grande vs. chico, largo vs. corto; evitar usar: hojas de 5.8 cm vs. hojas de 5.9 cm; o bien caracteres que se sobreponen: antenas posteriores de entre 2.4-3.8 cm vs. 3.4-5.1 cm. Para estos casos se recomienda el uso de proporciones de estructuras, por ejemplo, inflorescencia de menor longitud que la lámina foliar vs. inflorescencia de mayor longitud que la lamina foliar; antenas de igual o menor tamaño que la longitud total del cuerpo vs. antenas de mayor tamaño que la longitud total del cuerpo.

Aun cuando en la estructuración de los criterios de identificación, el uso de uno o dos caracteres bien definidos puede ser útil y válido (por ejemplo flores solitarias vs. flores en panículas, o dos cuernos frontales vs. cuatro cuernos frontales) siempre es preferible usar la mayor información en los criterios de identificación, ya que mientras más datos se tiene del organismo a clasificar, se facilita la decisión del camino a elegir y se va teniendo una mayor documentación sobre la especie que se está identificando.

Se sugiere usar al menos tres caracteres por criterio, y que estos correspondan a estructuras diferentes, ya que esto asegura la utilidad de la clave, dado que, de no tenerse

la estructura con el carácter principal en el espécimen a identificar, las estructuras secundarias o terciarias señaladas nos guiaran en el camino a identificar. Por ejemplo, si la clave está estructurada de la siguiente manera: flores rojas vs. flores azules, y nuestro ejemplar a identificar no presenta flores, solo frutos y caracteres vegetativos, no sería posible su identificación o sería muy complicado, por lo que se recomienda en ese caso construir los criterios con caracteres de forma de vida, flores, hojas, tallos, frutos y semillas, así como caracteres numéricos y merísticos y todo carácter que se considere útil.

Es importante escribir la clave empleando gerundios (raíces creciendo sobre los árboles) y participios (pétalos curvados, sépalos extendidos); que los caracteres a emplear estén siempre presentes en la especie y no de manera temporal, para que esta tenga la utilidad que se aspira tener (Zárate *et al.*).

Es recomendable confirmar la determinación realizada mediante la comparación del material en estudio con descripciones de la especie disponibles en obras científicas, principalmente, elaboradas por especialistas del grupo de estudio o bien con ejemplares ya identificados y depositados en colecciones científicas; aunque esto último debe ser realizado considerando que la especie de referencia incluso puede estar mal determinada.

Hay que tomar en cuenta que continuamente se describen especies nuevas o se hacen cambios en los sistemas de clasificación, por lo que en caso de que la identificación se realice con claves no recientes, ésta debe utilizarse con las respectivas precauciones, ya que pueden ser obsoletas para los fines de nuestro trabajo.

Casos particulares

Proponemos las siguientes recomendaciones para la presentación de claves y que éstas contribuyan al conocimiento de la biodiversidad:

1) De ser posible, en el caso de plantas se recomienda la elaboración de claves para estadios fértiles (flores y frutos) y claves basadas en caracteres vegetativos (tallos, ramas, hojas, entre otros). Caso similar sería en especies animales donde existe dimorfismo sexual, por lo que se sugiere el desarrollo de claves para cada uno de los sexos.

2) Un tipo de clave que puede ser muy útil y de las cuales no existen muchos ejemplos, son aquellas de grupos que presentan estadios de desarrollo y con caracteres exclusivos, por ejemplo, la de algunos insectos holometábolos o de metamorfosis completa, similar caso en algunos anfibios y peces, en estos casos se hace necesario el desarrollo de claves de identificación para cada uno de estos estadios de desarrollo. Así, si en un inventario de ranas solo puedes obtener muestras de renacuajos (y donde la clave de ranas para estadios adultos se vuelve inservible) la clave desarrollada para este estadio ayudará a la identificación de las muestras. Estas son muy complicadas de desarrollar dado el seguimiento y documentación de los caracteres y estados de carácter involucrados en el desarrollo de cada especie, pero son herramientas muy útiles que aportan al conocimiento taxonómico del grupo en cuestión e impacta en otras disciplinas por ejemplo en ecología.

En las claves se usa terminología especializada, por lo que se quiere facilitar su uso para no especialistas del grupo o estudiantes en formación, se sugiere incluir anexos como glosarios donde se deje claro el significado de los términos utilizados y la forma en la cual se delimito este carácter o bien dibujos o fotografías de las estructuras, esto para evitar llegar a un resultado erróneo. O en otro caso, señalar bibliografía u otros recursos digitales que definan los caracteres utilizados.

Conclusión

Las claves dicotómicas son herramientas taxonómicas donde el estudiante usa el conocimiento obtenido de la botánica o zoología y los utiliza en la práctica taxonómica. Consideramos que su utilidad y uso soportaran el embate de herramientas digitales, por lo que el esfuerzo y dedicación utilizado para su correcta estructuración garantizará una larga vida útil y que formará parte de la literatura importante en cualquier colección científica y que será valorada por las futuras generaciones de taxónomos y estudiosos de la biodiversidad.

Las claves dicotómicas deben ser herramientas que los estudiantes y profesionistas de las ciencias biológicas, agronómicas, veterinarias y de cualquier disciplina que involucre la actividad de identificación de especies deben de poder usar correctamente para un mejor desempeño de sus actividades profesionales.

Hay que tener en cuenta que las claves incluyen solo las especies que han sido documentadas en el sitio de estudio, pero el hecho de que una especie no haya sido encontrada previamente en el sitio no significa que eventualmente no pueda ser localizada. Si un espécimen no puede ser identificado con la clave del área geográfica en estudio, esto puede significar que estamos frente a un nuevo reporte para la zona de estudio.

:: Algunos conceptos

«Clasificar: consiste en organizar en grupos o conjuntos a distintos elementos u organismos que compartan uno o más caracteres, y que a su vez, puedan diferenciarse de los miembros de otros grupos»

Fernández et al. (2006)

«Diversidad biológica: también llamada biodiversidad, es definida como la variedad y variabilidad de los seres vivos y de los ecosistemas que ellos integran»

Crisci (2006)

«Identificar un ejemplar, consiste en asignarlo al grupo o taxón al que pertenece, de acuerdo con un modelo clasificatorio elaborado con anterioridad»

Fernández et al. (2006)

Referencias

Arija, C.M. (2012). Taxonomía, sistemática y nomenclatura: herramientas esenciales en zoología y veterinaria. *REDVET Revista electrónica de veterinaria*, 13(7): 071220. Recuperado de «<https://www.redalyc.org/pdf/636/63624404021.pdf>»

Campos Díaz, M.J.; Burelo Ramos, C.M. & Arias, S. (2020). La familia Cactaceae en Tabasco, México. *Acta Botánica Mexicana*, (127): e1635. DOI «<https://doi.org/10.21829/abm127.2020.1635>»

Cid Martínez, M.A.; Fócil Monterrubio, R.L.; Sánchez Hernández, L. & Rosique Gil, J.E. (2018). Catálogo de aeroalérgenos de una zona periurbana de la ciudad de Villahermosa, Tabasco, México. *Kuxulkab'*, 24(48): 05-16. DOI «<https://doi.org/10.19136/kuxulkab.a24n48.2425>»

Crisci, J.V. (2006). Espejos de nuestra época: biodiversidad, sistemática y educación. *Gayana Botánica*, 63(1): 106-114. DOI «<http://dx.doi.org/10.4067/S0717-66432006000100006>»

Fernández, L.A.; Silvana P., D. & Gallardo, F.E. (2006). Nomenclatura biológica. En: Lanteri A.A. & Cicliano, M.M. (eds.); *Sistemática biológica: fundamentos teóricos y ejercitaciones* (3^{ra} ed.; pp: 21-35). Buenos Aires; Argentina: Editorial de la Universidad de La Plata (EDULP). ISBN 950-34-0273-5. Recuperado de «<https://acortar.link/cyldMf>»

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* (12^a 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.

Morales, C.O. (2019). *Introducción a la flora de Costa Rica: claves dicotómicas*. (Presentación de clase; p. 23). Universidad de Costa Rica, Escuela de Biología. Recuperado de «<https://hopelchen.tecnm.mx/principal/sylabus/fpdb/recursos/r131147.PDF>»

Watson, S. & Miller, T. (2009). Classification and the dichotomous key: tools for teaching identification. *The Science Teacher*, 76(3): 50-54. Recovered from «<https://my.nsta.org/resource/6475/classification-and-the-dichotomous-key>»

Zárate Gómez, R.; Mori Vargas, T.J.; Ramírez Arévalo, F.F.; Dávila Doza, H.P.; Gallardo González, G.P. & Cohello Hauymacari, G. (2015). Lista actualizada y clave para la identificación de 219 especies arbóreas de los bosques sobre arena blanca de la Reserva Nacional Allpahuayo Mishana, Loreto, Perú. *Acta Amazonica*, 45(2): 133-156. DOI «<http://dx.doi.org/10.1590/1809-4392201402922>»



**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.

