

**Informe final \*del Proyecto HU015**  
**Simposio: Biodiversidad: Enfoques en Biología Molecular**

**Responsable:** Dra. Ivonne Sánchez del Pino  
**Institución:** Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.  
**Dirección:** Calle 43 # 130, Chuburná de Hidalgo, Mérida, Yuc, 97200 , México  
**Correo electrónico:** [isanchez@cicy.mx](mailto:isanchez@cicy.mx)  
**Teléfono/Fax:** 01 (999) 942-8330 ext 238; fax 01 (999) 981-3900  
**Fecha de inicio:** Agosto 14, 2009  
**Fecha de término:** Noviembre 9, 2009  
**Principales resultados:** Informe final, Reuniones académicas.  
**Forma de citar\*\* el informe final y otros resultados:** Sánchez del Pino, I. Simposio: Biodiversidad: Enfoques en Biología Molecular. Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. **Informe final SNIB-CONABIO proyecto HU015.** México, D. F.  
**Resumen:**

El Simposio que se propone a continuación se ofrece por primera vez para el sureste del país e incluye una diversidad de temas novedosos. Este Simposio permitirá difundir algunos de los conocimientos que se tienen del manejo y uso de datos moleculares en el conocimiento de la biodiversidad con énfasis en plantas vasculares, hongos y virus. Se pretende dar a conocer las áreas de investigación de los asistentes y establecer posibles proyectos de colaboración con la institución receptora ya sea tanto de estudiantes como de la comunidad científica en general.

- 
- \* El presente documento no necesariamente contiene los principales resultados del proyecto correspondiente o la descripción de los mismos. Los proyectos apoyados por la CONABIO así como información adicional sobre ellos, pueden consultarse en [www.conabio.gob.mx](http://www.conabio.gob.mx)
  - \*\* El usuario tiene la obligación, de conformidad con el artículo 57 de la LFDA, de citar a los autores de obras individuales, así como a los compiladores. De manera que deberán citarse todos los responsables de los proyectos, que proveyeron datos, así como a la CONABIO como depositaria, compiladora y proveedora de la información. En su caso, el usuario deberá obtener del proveedor la información complementaria sobre la autoría específica de los datos.

**INFORME FINAL A CONABIO**  
**Reuniones académicas. CONVENIO NÚM. HU015**  
**“Simposio Biodiversidad: Enfoques en Biología Molecular”**

**INTRODUCCIÓN.**

El Simposio Biodiversidad: Enfoques en Biología Molecular se realizó en cinco días de trabajo, del 19-23 de Octubre de 2009 en las instalaciones del CICY, Mérida Yucatán como un interés por conocer y difundir la importancia en el manejo de los datos moleculares, específicamente de secuencias de ADN, para el conocimiento de la biodiversidad.

El Simposio se ofreció por primera vez para el sureste del país e incluyó una diversidad de temas novedosos. Este Simposio permitió difundir algunos de los conocimientos que se tienen del manejo y uso de datos moleculares en el conocimiento de la biodiversidad con énfasis en bacterias, plantas vasculares, hongos y virus.

**OBJETIVOS.**

- A) Conocer la importancia de los análisis moleculares en el estudio de la biodiversidad con énfasis en plantas vasculares, bacterias, hongos y virus.
- B) Presentar avances sobresalientes relacionados al manejo de secuencias de ADN que son el fundamento de los proyectos de Código de Barras.
- C) Establecer el interés en estudiantes e investigadores sobre el impacto del uso y manejo de los datos moleculares.
- D) Establecer colaboraciones científicas con proyectos relacionados al tema del simposio con investigadores o estudiantes.

**PONENTES.**

El Simposio contó con la participación de 16 ponentes. Nueve fueron investigadores extranjeros y 7 nacionales. Los ponentes provienen principalmente de instituciones de EUA y dos de ellos de Canadá y España respectivamente. Los expertos que nos acompañaron para compartir sus conocimientos y experiencias en

el tema fueron los doctores Dennis Stevenson y Damon Little, del Jardín Botánico de Nueva York; los doctores Manuel Elías y Martha Valdez de ECOSUR; la Dra. Dolores González del INECOL; la Dra. Helga Ochoterena y el Dr. Pablo Vinuesa, ambos de la UNAM; el Dr. Donovan Bailey de la Universidad Estatal de Nuevo México en Las Cruces; el Dr. Ignazio Carbone de la Universidad Estatal del Norte de Carolina en Raleigh; desde España, nos acompañó el Dr. Francisco Rodríguez-Valera, de la División de Microbiología de la UMH; el Dr. Gabriel Moreno-Hagelsieb de la Universidad Wilfrid Laurier, en Ontario, Canadá; la Dra. Marilyn Roossinck, de Noble Foundation, USA; los doctores Ing-Ming Lee y Yan Zhao del Ministerio de Agricultura de los Estados Unidos; la Dra. Alejandra García Quintanilla de la Universidad Autónoma de Yucatán, y el Dr. Alfredo Herrera Estrella, de LANGEBIO en Irapuato, México.

El simposio tuvo la presencia de científicos dedicados a múltiples disciplinas que presentaron diversas herramientas y estrategias para el estudio de la biodiversidad de las especies. Sus enfoques incluyen el uso de marcadores moleculares, así como técnicas de secuenciación de segunda generación que permiten secuenciar genomas completos en cuestión de horas y días. También incluyen herramientas bioinformáticas y modelos estadísticos para hacer análisis de secuencias y establecer sus relaciones filogenéticas.

#### **ASISTENTES.**

El simposio tuvo un registro de 130 personas. Se constató la amplia aceptación que esta idea tuvo no solo en nuestro país, sino en otros países de Latinoamérica. Hubo participantes desde Durango, hasta Venezuela y Argentina que respondieron a la convocatoria y asistieron al evento. Varios aspirantes mexicanos y del extranjero insistieron en participar después de su cierre de registro. La demanda de lugares superó en mucho el cupo disponible del auditorio del CICY, que es de 130 personas por lo que se habilitó el Auditorio de Estudiantes del CICY para que aquellos que no pudieron registrarse tuvieran acceso al evento a través de Videoconferencia en tiempo real.

Los estudiantes asistentes fueron 85 alumnos representantes mayormente del CICY y el resto a otras instituciones. Los alumnos que representaron al resto de las instituciones **nacionales** se mencionan a continuación: Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco, A. C., Colegio de Posgraduados Campus Montecillos; ECOSUR, Unidad Chetumal, Facultad de ciencias, UNAM; Facultad de Ingeniería Química UADY; Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UADY; Facultad de Química, UADY; Instituto de Biología, UNAM; Instituto de Ciencias del Mar y Limnología, UNAM; Instituto de Ecología A.C.; Instituto Politécnico Nacional; Instituto Tecnológico de Conkal; Instituto Tecnológico de Mérida; Universidad Autónoma de Chiapas; Universidad Autónoma de México. Facultad de Ciencias UMDI-SISAL y Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas. También representaron a las instituciones **internacionales**: Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina y Centro Jardín Botánico de Mérida, Universidad de los Andes, Venezuela.

Asistieron 45 personas entre docentes, investigadores, técnicos y posdoctorantes de las siguientes instituciones: Instituto Politécnico Nacional CIIDIR unidad Durango, Universidad Autónoma de México. Facultad De Ciencias UMDI-SISAL, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, CENID-COMEF INIFAP, Colegio de Postgraduados-Campus Montecillo, Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana, Campus Puebla-Colegio de Postgraduados, CINVESTAV-IPN Unidad Mérida, Instituto Tecnológico de Tizimin, UADY y CICY.

## **RESULTADOS DE LA REUNIÓN.**

En una elegante conferencia inaugural se discutió la importancia de establecer una estrecha colaboración entre los biólogos que utilizan taxonomía tradicional, basados en marcadores morfológicos y aquellos que hacen inferencias basados en las secuencias génicas. Se mencionó la importancia de la colaboración conjunta para dar resultados más completos y resolver preguntas trascendentales, como el caso del origen de las semillas en angiospermas.

Entre las temáticas discutidas se abordó el tema del código de barras. Se determinó que los códigos de barras en plantas requieren de la combinación de dos marcadores moleculares. El código de barras ha mostrado ser útiles para la clasificación de grupos taxonómicos superiores. Se enfatizó en la tarea necesaria por realizar aún en la taxonomía clásica así como fomentar la capacitación de nuevos taxónomos que puedan hacer el trabajo de identificación de las especies de nuestros ecosistemas y validar estos resultados. Se indicó que existe un reto enorme por enriquecer las colecciones biológicas con que contamos, la importancia de considerar el número de muestras, el método de muestreo a utilizar y llevar a cabo estudios comparado de poblaciones en puntos geográficos distintos.

Para entender la biodiversidad, debemos profundizar en el estudio de la ecología, procesos de adaptación y evolución, flujo génico, deriva genética, hibridación inter-específica, etc. Aspectos que son importantes para entender la dinámica de las especies aunado al conocer la secuencia del genoma de una especie ya que provee valiosa información sobre las funciones de los genes en un organismo. Se llegó a la conclusión de que utilizar la información de los genomas, se pueden diseñar mejores marcadores moleculares para el estudio de diversas haplotipos, o bien para caracterizar eventos de hibridación inter-específica, al tener acceso a locus múltiples en las especies en plantas. Eventos que eventualmente pueden explicar el proceso de domesticación de especies importantes para la alimentación humana, como el caso del del huaje y el maíz. Se mencionó de las oportunidades que pueden surgir para llevar a cabo estudios de evolución y de ecología molecular, con el uso de técnicas avanzadas de secuenciación masiva de genes. En ese sentido, el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO) extendió una invitación a los científicos Mexicanos a hacer uso de esas instalaciones.

Por otro lado se tuvo la oportunidad de ver como estudios de genética de poblaciones aplicado a hongos de importancia agrícola, nos pueden llevar a entender procesos de recombinación, intercambio génico y evolución equilibrante, que han permitido cambiar paradigmas de su biología, como el caso de la reproducción sexual en especies de *Aspergillus*.

En las ponencias concernientes a la biodiversidad de microorganismos aprendimos que, la metagenómica y la Eco-genómica, aunadas a métodos de genómica computacional, nos pueden dar valiosa información sobre organismos que no podemos cultivar en el laboratorio para empezar a entender como los microorganismos están contribuyendo a modificar nuestro entorno.

En trabajos que incluyen fitoplasmas, virus y bacterias, se presentaron audaces evidencias de que los bacteriófagos y algunos virus endosimbiontes, pueden estar confiriendo a las bacterias, fitoplasmas, hongos y plantas, nuevas características que les permiten constituirse en mejores patógenos o para adaptarse a distintos ambientes naturales, ya sea por tolerancia a condiciones ambientales extremas, o por cambios en la toma de nutrientes que les permiten explorar diferentes nichos ecológicos. Estamos sin duda en un momento muy interesante para estudiar su biología.

Nuevamente, el uso y el entendimiento de los modelos evolutivos aunado a marcadores moleculares que incluyen secuencias largas (como clusters u operones completos), un buen diseño en proceso de muestreo (que incluya un amplio número de muestras así como muestras provenientes de diversas regiones geográficas), son cruciales para llevar a cabo con éxito nuestros estudios, dando como resultado filogenias adecuadas, basadas en conocimientos reales.

Por último, cabe mencionar que se obtuvo una participación de 20 carteles con temas de gran interés y de diversos temas. Se anexa (**Anexo 1**) el listado de los títulos presentados en el evento.

## **EVALUACIÓN DEL EVENTO.**

El evento fue considerado como todo un éxito desde la calidad de los temas presentados hasta su organización. Los objetivos iniciales se cumplieron demostrando que varios de los estudiantes quedaron motivados ante el conocimiento que adquirieron durante esa semana. Los ponentes lograron comunicarse con otros investigadores y se crearon vínculos de colaboración para posteriores reuniones académicas. En conjunto, los conceptos y métodos discutidos

en el simposio de Biodiversidad, ayudarán a enriquecer nuestros puntos de vista como científicos estudiosos de la naturaleza, en nuestras especialidades respectivas.

Sin duda, este simposio, que fue el primero que se realizó en el sureste del país, dejó una gran satisfacción por el trabajo realizado y los acuerdos establecidos, pero seguramente también será la base de una colaboración futura con las distintas instituciones que se dieron cita en el CICY.

**ANEXO 1. Títulos de los Carteles presentados en el  
Simposio Biodiversidad: Enfoques en Biología Molecular  
19-23 Octubre 2009. CICY**

**1. Glocca y Herramientas Derivadas.**

Arenas Díaz, Edgar David<sup>1</sup>, Rodríguez Vázquez, Katya<sup>1</sup>, Ochoterena, Helga<sup>2</sup>. [xaltonalli@gmail.com](mailto:xaltonalli@gmail.com)

<sup>1</sup>instituto de Investigaciones en Matemáticas y en Sistemas, Universidad Nacional Autónoma de México. <sup>2</sup>instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México.

**2. Sistemática y Filogenia del Género *Lophiaris rafinesque* (Orchidaceae: Oncidiinae).**

Balam Narváez, Ricardo; Carnevali F-C, German y Duno de Stefano, Rodrigo. [rbn696@hotmail.com](mailto:rbn696@hotmail.com)

Centro de Investigación Científica de Yucatán, A. C. Mérida, Yucatán, México.

**3. Análisis Temporal (1979-2007) de la Erosión Genética en Variedades del Frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.) en Campeche, México.**

Camacho Pérez, Luciana, Coello Coello, Julián, Martínez Castillo, Jaime. [lucycamp@cicy.mx](mailto:lucycamp@cicy.mx)

Centro de Investigación Científica de Yucatán, A. C. Mérida, Yucatán, México.

**4. Identificación Molecular de Bacterias Procedentes de una Celda de Combustible Bacteriano.**

Tzec-Simá Miguel<sup>1</sup>, Vázquez-Loría Jesús Israel<sup>1</sup>, Alzate Gaviria Liliana<sup>2</sup>, Canto-Canché Blondy<sup>1</sup>. [cantocanche@cicy.mx](mailto:cantocanche@cicy.mx)

<sup>1</sup>Unidad de Biotecnología, Centro de Investigación Científica de Yucatán A. C. Mérida, Yucatán, México. <sup>2</sup>Unidad de Materiales, Centro de Investigación Científica de Yucatán A. C. Mérida, Yucatán, México.

**5. Estudio Metagenómico del Acuífero de Yucatán.**

De los Santos-Briones, César<sup>1</sup>, Rojas Herrera, Rafael<sup>2</sup>, Arena Ortiz, Leticia<sup>3</sup>, Hernández Espinoza, Ángel<sup>1</sup>, Keb Llanes, Miguel<sup>1</sup>, Escalante Réndiz, Diana<sup>2</sup>, Zamudio Maya, Marcela<sup>2</sup>, Apodaca Hernández, Javier<sup>3</sup>, Rebolledo Vieryra, Mario<sup>4</sup>, Rodríguez Valera, Francisco<sup>5</sup>, O'connor Sánchez, Aileen<sup>1</sup>. [sbriones@cicy.mx](mailto:sbriones@cicy.mx)

<sup>1</sup>Unidad de Biotecnología. Centro de Investigación Científica de Yucatán A. C. Mérida, Yucatán, México. <sup>2</sup>Facultad de Ingeniería Química. Universidad Autónoma de Yucatán. Mérida, Yucatán, México. <sup>3</sup>Unidad Multidisciplinaria de Docencia e Investigación-Sisal. Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. Mérida, Yucatán, México. <sup>4</sup>Unidad de Ciencias del Agua. Centro de Investigación Científica de Yucatán. Mérida, Yucatán, México. <sup>5</sup>Division of Microbiology and Evolutionary Genomics Group. Universidad Miguel Hernández. San Juan de Alicante. España.

**6. Estudio de la Diversidad Archaea en un Ambiente Hipersalino.**

Flores Huerta, María Andrea, Rojas Herrera, Rafael Antonio. [mandreafh@hotmail.com](mailto:mandreafh@hotmail.com)

Facultad de Ingeniería Química. Universidad Autónoma de Yucatán. Mérida, Yucatán, México.

**7. Enfoques para el Estudio de la Diversidad de Nemátodos del Suelo en la Reserva de la Biósfera “los Tuxtlas”, Veracruz.**

Franco-Navarro, Francisco. [ffranco@colpos.mx](mailto:ffranco@colpos.mx)

Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Estado de México, México.



**8. Relaciones Filogenéticas de *Pinus* Sección *Trifoliae* con Base en Secuencias de CPDNa.**

Hernández León, Sergio<sup>1</sup>, Pérez de la Rosa, Jorge a.<sup>2</sup>, Jardón Barbolla, Lev O.<sup>3</sup>, Gernandt, David s.<sup>1</sup>. [scamleer@hotmail.com](mailto:scamleer@hotmail.com)

<sup>1</sup>Departamento de Botánica, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, México D.F., México. <sup>2</sup>Instituto de Botánica, Universidad de Guadalajara, Zapopan, Jalisco, México. <sup>3</sup>Departamento de Ecología Evolutiva, Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México, México D.F., México.

**9. Variabilidad Morfológica y Fotosintética del Género *Clusia* (Clusiaceae) en la Península de Yucatán, México.**

Hernández-González, Olivia, Andrade, José Luis, Sánchez-del Pino, Ivonne. [olivia@cicy.mx](mailto:olivia@cicy.mx)

Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. Mérida, Yucatán, México.

**10. Identificación de Familias de Retrotransposones TY1-copia y GYPSY en tres Especies de Agave.**

Huijara-Vasconcelos J.J., Quiroz Moreno A., Sánchez-Teyer F. [huijara@gmail.com](mailto:huijara@gmail.com)

Centro de Investigación Científica de Yucatán, Unidad de Biotecnología. Mérida, Yucatán, México.

**11. Enfoques en Biología Molecular Aplicados al Estudio de los Acociles de México: Hábitat, Morfología, Secuenciación y Códigos de Barras de ADN.**

López-Mejía, Marilú. [marlopez@uqroo.mx](mailto:marlopez@uqroo.mx)

Laboratorio de Biología Evolutiva y Genética de Poblaciones, Universidad de Quintana Roo, Unidad Académica Cozumel, Cozumel, Q. Roo, México.

**12. Análisis de la Caracterización Morfológica y la Variabilidad Genética de Aislados de *Mycosphaerella fijiensis* del Occidente de México mediante Marcadores ISSR.**

Valdovinos-Nava, Wilmer de Jesús<sup>1</sup>, Guzmán-González, Salvador<sup>1</sup>, Orozco-Santos, Mario<sup>2</sup> y Manzo-Sánchez, Gilberto<sup>1</sup>. [gmanzo@ucol.mx](mailto:gmanzo@ucol.mx)

<sup>1</sup>Universidad de Colima, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Laboratorio de Biotecnología. <sup>2</sup>Campo experimental de Tecomán, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Tecomán, Colima, México.

**13. Nematode Diseases: The Plurality of DNA Barcoding.**

Mejía Madrid, Hugo. [hbm@mda.cinvestav.mx](mailto:hbm@mda.cinvestav.mx)

Cinvestav-IPN Unidad Mérida, Antigua Carretera a Progreso, Mérida, Yucatán, México.

**14. Marinobacter en Sistemas Costeros del Golfo de México: Implicaciones Ecológicas en la Transformación Bacteriana de los Hidrocarburos del Petróleo.**

Rosano-Hernández, María C., Ramírez-Saadb, Hugo C., Fernández-Linares, Luis C. [mrosano@imp.mx](mailto:mrosano@imp.mx)

Instituto Mexicano del Petróleo, Ciudad del Carmen, Campeche México.

**15. Análisis molecular de accesiones de *Jatropha curcas* L., colectadas en Chiapas, México.**

Sánchez Cach, I. A., Cetz Canul, E. R., Martínez Estévez, M., Fuentes Cerda, C. F. J. [lolha@cicy.mx](mailto:lolha@cicy.mx)

Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. Mérida, Yucatán, México. Instituto Tecnológico de Conkal. Conkal, Yucatán, México.

**16. Importancia de los Caracteres Moleculares para el Estudio del Género *Melanoleuca* (Fungi: Agaricales).**

Sánchez-García M., Cifuentes Blanco J., Rodarte Murguía B., Segal Kischinevzky C., Alba Lois L. Y Guzmán-Dávalos L. [msanchezg@ciencias.unam.mx](mailto:msanchezg@ciencias.unam.mx)  
Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F., México.

**17. Variación y Estructura Genética de *Swietenia macrophylla* King (Meliaceae) en México**

Trujillo Sierra, José Enrique<sup>1</sup>, Ramírez Morillo, Ivón<sup>1</sup>, Rebolledo Camacho, Virginia<sup>2</sup>, Castillo Herrera, Amilcar<sup>1</sup>, Chi-May, Francisco<sup>1</sup>, Delgado Valerio, Patricia<sup>3</sup>. [volvacea@gmail.com](mailto:volvacea@gmail.com)

<sup>1</sup>Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. Mérida, Yucatán, México. <sup>2</sup>Instituto de Genética Forestal Parque Ecológico "El Haya". Xalapa, Veracruz, México. <sup>3</sup>Facultad de Agrobiología, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, UMSNH. Uruapan, Michoacán, México.

**18. Hongos Productores de Aflatoxinas en Jalisco.**

Valencia Botín, Alberto Julián. [botin77@gmail.com](mailto:botin77@gmail.com)

Universidad de Guadalajara, Ocotlán Jalisco, México.

**19. Caracterización de Germoplasma de *Agave spp.* con Marcadores Moleculares RAPD y Análisis Morfométrico.**

Peña Valdivia, Cecilia Beatriz<sup>1</sup>, Meza Rangel, Joel<sup>2</sup>, Juárez Muñoz, Juana<sup>2</sup>, López Herrera, Maritza<sup>3</sup>, Trejo López, Carlos<sup>1</sup>, Vázquez Díaz, Erasmo<sup>1</sup>. [evaquez@colpos.mx](mailto:evaquez@colpos.mx)

<sup>1</sup>Botánica, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Estado de México, México. <sup>2</sup>Centro de Investigaciones Biológicas e <sup>3</sup>Instituto de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, México.

**20. Análisis Filogenético de *Ferocactus* (Cactaceae) Basado en Secuencias de RPL16 y TRNL-TRNF.**

Vázquez-Sánchez, M., <sup>1</sup>Terrazas, T., <sup>2</sup>Arias, S. [monsevaz@ibiologia.unam.mx](mailto:monsevaz@ibiologia.unam.mx)

<sup>1</sup>Departamento de Botánica, <sup>2</sup>Jardín Botánico, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. México, DF, México.