


I'm not robot  reCAPTCHA

Continue

Presenta el Reino de los Hongos como el quinto. Los hongos se caracterizan por sus células celulares de la pared de quitina llamadas hipfas, que juntos forman micelio y por el tipo de alimento que es heterotrófico; características que son muy diferentes en los organismos del Reino Plantae. Se fundan los cinco reinos: Monera, Protista, Fungi, Plantae, Animalia. En la década de 1980, los biólogos estadounidenses Lynn Margulis y Karlene V. Schwartz propusieron una enmienda a la propuesta de Whittaker, cambiando el nombre del Reino Protista por Prototist porque incluía algas pluricelulares y algunos hongos inferiores. La propuesta es la siguiente: Monera (bacterias), Prototist (protistas y algas), Fungi (hongos), Plantae y Animalia. Los avances en microscopía electrónica y técnicas bioquímicas muestran características de los organismos que permiten modificar las clasificaciones anteriores. Fotografía: Cortesía Miroslav VajdíTM Alejandro Ocegüera Figueroa y Virginia León-Régagnon Describir y clasificar seres vivos es lo que hacen los taxonomistas. El uso de herramientas de biología molecular ha aportado no sólo una nueva dimensión a nuestra comprensión de la biodiversidad, sino también la posibilidad de que estas herramientas se utilicen fuera del ámbito de la biología. Un cargamento de salmón de Canadá ha llegado a la aduana. La inspección sanitaria detecta formas alargadas y rojizas en la carne. Tienes que detener el envío hasta que sepas lo que es. Se comunica con el Instituto de Biología de la UNAM, donde le hemos ayudado en otras ocasiones a identificar larvas de insectos y otros insectos que ha encontrado en los envíos. Como taxonomistas expertos dedicados a describir y clasificar los seres vivos, tenemos que examinar los especímenes directamente y pedir al inspector que nos envíe una muestra. Cuando llega, dejamos de lado el trabajo que hicimos -la descripción de una nueva especie de parásitos lagartos- para estudiar el gusano en el salmón. Usando el microscopio, buscamos las estructuras características de la especie para poder identificarlo, pero no existen: simplemente nos enviaron un trozo de gusano que no puede ser reconocido. Lo bueno es que podemos obtener la secuencia del ácido desoxirribonucleico (ADN) del fragmento correcto y comparándolo con otros ya registrados identificamos el espécimen como Anisakis, un nematodo que se encuentra en la etapa larval de la carne de pez marino y puede infectar a los seres humanos. Informaremos al inspector del resultado para tomar las medidas apropiadas y volver a nuestro trabajo interrumpido; Han pasado 10 días. En un futuro próximo, es posible que el inspector de salud ya no tenga que depender del taxonomista (excepto en casos muy excepcionales), o esperar tanto tiempo; usted cuenta con un leer códigos de barras genéticos; se inserta una pequeña parte del organismo en cuestión y se tiene la identificación en la pantalla en pocos minutos. Y el taxonomista no se verá obligado a interrumpir el trabajo que le apasiona: describir la diversidad biológica del planeta. Nuevo criterio de clasificación La biología molecular, es decir, la ciencia que se ocupa del estudio de los fundamentos moleculares de la vida, que relacionan las estructuras de las biomoléculas con las funciones específicas que desempeñan en la célula y en el organismo, ha dado una nueva dimensión a la comprensión de la biodiversidad y, por lo tanto, un criterio más sencillo de la clasificación de los seres vivos con fines prácticos. Esta ciencia se abrió en 1953, cuando James Watson y Francis Crick descubrieron la estructura del ADN, en la Universidad de Cambridge, Inglaterra. Esta molécula es responsable de transportar información genética de padres a hijos en casi todos los organismos vivos y también contiene la información necesaria para formar un organismo completo a partir de un óvulo fertilizado. El ADN se forma a partir de cuatro componentes básicos llamados nucleótidos (adenina, guanina, timina y citosina), que se combinan en organismos que tienen lo que llamamos el código genético. En los genes -que son segmentos del ADN con la información necesaria para formar proteínas- la secuencia de nucleótidos es variable y esta variación es responsable de la diversidad biológica, permitiendo que el ADN de un perro produzca un perro y un ratón para producir un ratón. Sin embargo, permítanos saber que esta es la razón de la diversidad, no responde plenamente al misterio que implica, por ejemplo, los genes del chimpancé, nuestro pariente más cercano, es casi idéntico al de los seres humanos; una diferencia de alrededor del 1% es lo que nos hace diferentes. La diferencia en el orden de los nucleótidos en cada uno de los genes es utilizada por los biólogos para identificar las numerosas especies. De ahí surgió la idea de crear una base de datos o clasificación cuyo criterio era el orden de los nucleótidos de cada especie y que se representaba como los códigos de barras utilizados en el comercio para identificar los productos. Paul Hebert, de la Universidad de Guelph en Canadá, ideó un método por el cual cada una de las criaturas vivientes podía ser identificada usando secuencias de ADN cortas. Su idea ha funcionado bien en muchos casos, especialmente en el reino animal. En general, se sugiere que los taxonomistas continúen haciendo el trabajo que han hecho, pero que sus descripciones y clasificaciones morfológicas deben agregar una secuencia de ADN representada en un código de barras que permita a los no especialistas reconocer rápidamente las especies. En el caso del reino animal, que el gen del citocromo c oxidasa, ubicado en las mitocondrias, puede funcionar para tal trabajo. Las mitocondrias son los orgánulos donde tiene lugar la respiración celular, aunque la mayor parte del ADN de la célula está en los núcleos, las mitocondrias tienen su propio genoma, que tiene muchas similitudes con los genomas bacterianos. El gen del citocromo c oxidasa es casi del mismo tamaño en todos los animales y se ha sugerido que un fragmento de 650 nucleótidos de este gen tiene suficiente variación para permitirnos distinguir entre dos especies estrechamente relacionadas. Se puede decir que la profesión más antigua del mundo es la taxonomía. Dado que antes de que los humanos lo fueran, y mucho antes de escribir, el comercio y el fútbol se desarrollaran, había una necesidad de nombrar y clasificar a los seres vivos. De alguna manera, la gente primitiva tenía que diseñar un sistema que les permitiera comunicar la diferencia entre un tigre dientes de sable y una liebre. Como todas las ciencias, la taxonomía ha incorporado nuevas tecnologías durante el desarrollo. Así que lo que comenzó hace miles de años como pinturas rupestres que los seres humanos cazan animales es hoy una ciencia altamente especializada, cuyo propósito es la descripción y clasificación de los seres vivos. Hoy en día, la taxonomía se enfrenta a varios desafíos, incluyendo el pequeño número de especialistas que pueden identificar y nombrar diferentes especies. Pero es sin duda la muy alta tasa de destrucción de los ecosistemas, y la consiguiente extinción de miles de especies, que es el mayor problema. Los taxonomistas, conscientes de la lentitud del proceso de descripción de las especies y del proceso aún más lento de desembrar la información, han propuesto una serie de alternativas para resolver estos problemas. Algunos incluyen el uso de Internet, por ejemplo en la revista electrónica Zootaxa más de 10.000 especies de animales se han descrito desde 2001 hasta ahora, lo que equivale a un ritmo sin precedentes. Independientemente, se está llevando a cabo un proyecto para construir un sitio web para cada una de las aproximadamente 1.8 millones de especies descritas en lo que se llama enciclopedia de la vida (EOL) que contendrá fotos, descripciones e información general. Además, el uso de herramientas de biología molecular ha dado una nueva dimensión a nuestra comprensión de la biodiversidad. Análisis de ADN Sin duda habrá notado que muchos animales son fácilmente distinguibles cuando ya son adultos; por ejemplo, muchas aves y peces elegantes son muy similares cuando acaban de nacer y lo siguen siendo para diferentes etapas de su desarrollo, pero cuando desarrollan la etapa adulta difieren de su tipo. Esto ha llevado a problemas interminables para los biólogos que a veces no tienen elementos para identificar a los juveniles. Estas dificultades se superarían fácilmente utilizando el código de barras, si las secuencias de ADN no cambieren a lo largo de la vida de un individuo en particular; es decir, las larvas, los jóvenes y los adultos de una especie tienen el mismo ADN. A veces, los taxonomistas tienen que determinar qué especies solo utilizan partes del cuerpo, como una hoja, cabello o piel. Una de las grandes ventajas del código de barras es que el ADN es el mismo en todas las células del cuerpo, por lo que incluso si sólo se analiza una pequeña parte de un organismo, es posible identificarlo. Esta herramienta también tiene otras aplicaciones importantes fuera del ámbito de la biología, como ayudar a prevenir el tráfico de personas en especies en peligro de extinción. Por ejemplo, un agente de aduanas que recibe un cargamento de palmas ornamentosas, según los comerciantes, se trata de palmas de sombra plantadas en invernaderos controlados, sin embargo, cuando se utiliza el código de barras genético, el agente se da cuenta de que no se trata de palmas, sino cydes, un grupo de plantas consideradas fósiles vivos que crecen muy lentamente (unos pocos milímetros por año) y que vienen a vivir alrededor de 1.000 años. Dado que los cydes están protegidos por la ley mexicana, el agente tendría pruebas sólidas para remitir a los comerciantes de especies a las autoridades competentes. En el mismo orden de ideas, el agente puede saber si los envíos de salmón etiquetado son en realidad o si son otro pez de menor calidad. Como se puede ver, el impacto de la iniciativa de código de barras genético puede ser muy grande, pero ¿cómo puede ser aplicado por alguien que no conoce la biología? En la actualidad, varias universidades y empresas privadas, especializadas en biotecnología y nanotecnología, están trabajando para llegar a un dispositivo móvil del tamaño de un teléfono móvil en el que se puede colocar una muestra de tejido de un organismo, y en el que se realizan todas las reacciones bioquímicas necesarias para obtener su secuencia de ADN. Esta secuencia se enviaría a través de comunicaciones por satélite a uno de los centros donde se almacenan los datos y en cuestión de minutos, el interesado podría recibir el nombre de la especie a la que pertenece el organismo. Está claro que el precio de estos dispositivos se incrementará inicialmente, pero al igual que con la tecnología, es sólo cuestión de tiempo antes de que sean accesibles al público. La técnica de secuenciación es similar a la utilizada para descifrar todo el genoma de algunas especies, como la de los seres humanos, pero en este caso sólo se secuencia un pequeño fragmento de ADN para identificar el organismo, que el dispositivo lo hace muy rápidamente. Todo esto es también una oportunidad inestimable para hacer pública y accesible a toda la información que se ha almacenado en museos e institutos de investigación científica durante años. El papel de México En febrero de 2005, en la primera reunión internacional del Consorcio del Código de Vida (CBOL), el Instituto de Biología de la UNAM, que representa a nuestro país, se unió a la lista de más de 170 instituciones en 50 países que apoyan esta iniciativa. El 2 de marzo de 2009, la Red Temática MEX-BOL (Código de Barras de México) inició sus funciones, con el apoyo del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Esta red está formada por el Instituto de Biología de la UNAM, El Colegio de la Frontera Sur y el Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste y tiene como objetivo promover la generación de códigos de barras de todas las especies en México. Esto sin duda será un esfuerzo titánico, dado que la biodiversidad de México es una de las más grandes del mundo. Sólo con la participación y cooperación de un gran número de especialistas de diferentes instituciones en el territorio nacional será posible. Afortunadamente, a través de la Comisión Nacional para el Uso de la Biodiversidad y el CONACYT, el Gobierno mexicano ha mostrado gran interés en el desarrollo de este instrumento en México. Sin duda, cuando otros sectores, como la agricultura o la medicina, se dan cuenta del potencial de esta herramienta, el apoyo será mucho mayor. Como muestra del interés que esta iniciativa ha despertado en la comunidad científica de nuestro país, México fue elegida como sede de la Tercera Asamblea Internacional del Código de Barras de la Vida, que se llevará a cabo del 7 al 13 de noviembre en la Ciudad de México. Más información El proyecto Código de barras de la vida: Informe del diario El País de España . com/article/future/Code/bars/genetic/elpepusoc/20070221elpepifut_2/Tes Criticisms Los investigadores han respondido a la iniciativa de código de barras de muchas maneras diferentes. Algunos han sugerido que es una excelente idea y deberían contar con el apoyo de gobiernos, organismos de todo el mundo y biólogos. Sin embargo, la mayor crítica proviene de varios grupos de taxonomistas que, entre otras cosas, creen que el uso de tales herramientas trivializa la taxonomía reduciéndola a un sistema de identificación de especies en lugar de ser una ciencia independiente. Además, se han planteado algunas objeciones metodológicas y prácticas, como que este sistema sólo funciona en grupos bien representados en bases de datos (por ejemplo, vertebrados), pero no en aquellos que no lo son y que son generalmente los más por ejemplo invertebrados. La precisión del código de barras genético depende de la integridad de la base de datos por la que se comparan las secuencias de ADN representativas de los organismos que queremos identificar; en este sentido, diferentes grupos taxonómicos son completamente desconocidos desde el punto de vista de su ADN, por lo que si por casualidad una persona recoge uno de estos animales y envía su secuencia para su identificación, el resultado sería muy preciso. El sistema de identificación de códigos de barras funcionará mejor en grupos poco conocidos, ya que se describen y documentan más y más especies. El proyecto de código de barras se concibe como un sistema de identificación de especies, no como un sistema para reconocer o caracterizar nuevas especies, trabajo que permanece totalmente en manos de taxonomistas. El proyecto de código de barras genético, lejos de resolver la cuestión de cuántas especies viven en la Tierra, es una herramienta que nos permite identificar especies en un tiempo relativamente corto, que podría enviar los esfuerzos de los taxonomistas a ciertos grupos que no han sido debidamente investigados, haciendo nuestra catalogación de seres vivos más eficiente. Alejandro Ocegüera Figueroa es biólogo de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Ciencias de la vida bajo la dirección de Virginia León-Rugagnon. Actualmente tiene un doctorado de la Universidad de la Ciudad de Nueva York y el Museo Americano de Historia Natural, Estados Unidos. Virginia León-Rugagnon tiene un doctorado en biología de la UNAM. Hizo una residencia postdoctoral en la Universidad de Toronto, Canadá. Actualmente trabaja en la Estación de Biología Chamela del Instituto de Biología de la UNAM. Su investigación se centra en el estudio de los parásitos anfibios y reptiles y la evolución de las relaciones parásito-invitados. parásito-anfitrión.

normal_5f94adee6055d4.pdf
normal_5f670da7e9867.pdf
normal_5f822b1e6381de.pdf
lista cualidades positivas de una persona
penicillin g davis drug guide
what is a literary text pdf
merge any file to pdf online
android open google map app
supply chain management lecture notes pdf
adulteration of milk products pdf
physical geography dictionary penguin pdf
accounting equation explained pdf
bankersadda current affairs pdf july 2019
quantum mechanics 500 problems with solutions aruldas.pdf
dacriocistitis aguda.pdf
routing_number_111000025.pdf
cub_scout_segments_mount_baker_council.pdf