



# **III Taller de Ciencia para Jóvenes Campeche 2014**



# Segundo Taller de Ciencia para Jóvenes Campeche 2014

## Libro de trabajo y antología

Compilador: Dr. Yuri Jorge Peña Ramírez

Campeche, Campeche. Julio de 2014



# Índice

Comité Organizador	4
Instituciones Participantes	5
Programa del Taller	6
Talleristas	7
Maestros	9
Material de los cursos	9
Nutrición y Desarrollo	15
Astronomía	26
Ecología	28
Paradojas y topología	50
Ingeniería Genética	56
Sincronización y Caos	58
Proyectos de Desarrollo Sustentable	60
Metagenómica	63
Bioacústica	69
Flores, frutos y evolución	72
Transgénicos	73
Mamíferos	74
Notas	75



# Comité organizador

## El Colegio de la Frontera Sur

**Dr Mario González Espinoza.** Director General

**Dra. Griselda Escalona Segura.** Directora de la Unidad Campeche

**M en C. Luvia Padilla Rebolledo.** Difusión y Vinculación

**CP. Jorge Estrada López.** Administrador de la Unidad Campeche

**Dr. Yuri Jorge J. Peña Ramírez.** Coordinador General del Taller

## Fundación Pablo García

**Lic. Jorge Esquivel Ruiz** Director General

**LAE Carlos Alberto Castillo Ruiz.** Director Administrativo

**Lic. Javier González Pérez.** Director de Seguimiento de Becarios

## Fundación Avanza Campeche

**Lic. Eduardo Valdez Hernández.** Presidente del Consejo Directivo

**Ing. Mario Pavón Carrasco** Director Ejecutivo

**CP. Francisco Castilla Goyta.** Presidente del Comité de Becas



# Universidad Autónoma de Campeche

**Dr. Otto Ortega Morales.** Director de Posgrado e Investigación

**Mtra. Cecilia Liotti.** Coordinadora General de Investigación

# Instituciones participantes





# Programa del Taller.

## Programa del II TCJ Campeche 2014

Horario	Domingo 27	Lunes 28	Martes 29	Miércoles 30	Jueves 31	Viernes 1	Sábado 2
07:00	Llegada al hotel sede / "aduana de entrada"	Despertarse					Despertarse
07:45		Transporte al Ecosur					
08:30		Desayuno en Ecosur					
09:00		Curso 1					Desayuno en el Hotel
							Evaluación del taller
11:00		Almuerzo					Clausura
11:30		Curso 2					
12:30		Comida					Regreso a casa / "aduana de salida"
13:30		Inauguración	Curso 3	Tarde Cultural	Feria de licencia-turas	Curso 4	
14:30							
16:00							
17:30	Sesión Rompe Hielos	Cine-debate UAC			Panel de empresarios	Presentaciones y relatoria	
18:00							
19:00							
20:00		Cena en el Hotel				Transporte al Hotel	
23:00		Se apaga la luz				¡Cena y fiesta de despedida!	



# Talleristas

AMAYA	VALDEZ	KORA FRANCISCA	kamaya_valdez@hotmail.com
ARTEAGA	TUN	CARLOS SAMUEL	elect_watt@hotmail.com
ARZABALA	LEÓN	ROSA LETICIA	rositaarzabala@hotmail.com
BAQUEIRO	PÉREZ	ALEJANDRA DE LA LUZ	nigga_allstars@hotmail.com
BLANCO	LOPEZ	ALMA GRISELDA	griseldablanca30@hotmail.com
CAHUICH	CHAN	RANGEL ABRAHAM	Barza_Ame2@hotmail.com
CAN	KANTUN	MARYCRUZ	taucruz_03_05@live.com
CATZIN	PECH	CORAZON DE MARIA	happydawn_06@hotmail.com
CONTRERAS	GUZMAN	SOFIA GUADALUPE	sophie-kontreras@hotmail.com
DEHARA	FRANCISCO	DANIEL	danieldehara@yahoo.com
EMETERIO	GARCIA	WILBER	wilito-eme@hotmail.com
FLORES	SOLÍS	ELSY DEL CARMEN	mariposa_1770@hotmail.com
FLORES	DE LA ROSA	GUADALUPE DEL CARMEN	delarosalucelia@yahoo.com.mx
GARMA	EHUÁN	EDGAR MAXIMILIANO	maxito654@hotmail.com
GERONIMO	PEREZ	YAMILE DEL PILAR	nilda_rubi05@hotmail.com
GONGORA	CORONA	ZELTZIN PAOLA	zeltzin_111@hotmail.com
GONZALEZ	RUIZ	JOSE EDUARDO	lalo_glezru_@outlook.com
GUTIERREZ	GOMEZ	JAQUELINE	puquita_6@hotmail.com
MACÍAS	CÁRDENAS	KAREN	karen2years@hotmail.com
MADRID	SÁNCHEZ	RODNEY ROGELIO	rogelio_96_madrid@hotmail.com
MANZANERO	SUAREZ	CONSUELO ISABEL	emsad_11_dzibalchen@hotmail.com
MORALES	SÁNCHEZ	LETICIA ISABEL	letty_1988@hotmail.com
NAAL	CABALLERO	MARÍA ANTONIA	l_cetina@hotmail.com
NUÑEZ	CHABLE	LESVIT ESMERALDA	estrellafugaz_delanoche@hotmail.com
OJEDA	PÉREZ	SONIA VALERIA GUADALUPE	sonivale14@hotmail.com
PANTI	MANZANERO	MONTSERRAT	montse_drp@hotmail.com
PEÑA	JIMÉNEZ	ALMA BEATRIZ	beatriz-pe1985@hotmail.com
PERDOMO	XOOL	FÁTIMA YAMILETH	yami_1305px@hotmail.com
QUINTAL	GUZMAN	LUIS DAVID	doky_16@outlook.com
RAMIREZ	HUICAB	TERESITA DE ATOCHA	al047369@uacam.mx
RAMOS	PEREZ	JULIAN RICARDO	riki_reach@hotmail.com
REYES	ZAPATA	VICTORIA ALEJANDRA	victoriareyes98@hotmail.com,
SOSA	AGUILAR	CARLA DEL CARMEN	CarlaAguilar1998@hotmail.com
TUCUCH	HERNANDEZ	SHEYLA DAYHANA	stucuhh@hotmail.com
TUYUB	UC	ROBERTH ALBERTO	kzl_303_cyr@hotmail.com
UC	UC	SAYNI ARIANA	sayni_arixa_uc@hotmail.com



**UC  
VEGA  
VICTORIA  
YERVES**

**TUYUB  
JUÁREZ  
MORA  
CACH**

**GUADALUPE DE LOS  
ANGELES  
ITZEL ROXANA  
RAÚL ENRIQUE  
RUDY ISAI**

**tequielo\_angelita@live.com.mx  
itzel\_cello55@hotmail.com  
raulenrique1697@gmail.com  
isa-041@live.com.mx**





# Maestros

Nutrición y Desarrollo	Francisco D.	Gurri García	<a href="mailto:fgurri@ecosur.mx">fgurri@ecosur.mx</a>
Astronomía	Abraham	Luna Castellanos	<a href="mailto:aluna@inaoep.mx">aluna@inaoep.mx</a>
Ecología	Miguel Ángel	Martínez Morales	<a href="mailto:mmartinez@ecosur.mx">mmartinez@ecosur.mx</a>
Proyecto de Desarrollo Sustentable	Otto	Ortega Morales	<a href="mailto:beortega@uacam.mx">beortega@uacam.mx</a>
	Cecilia	Liotti	<a href="mailto:mcliotti@uacam.mx">mcliotti@uacam.mx</a>
Paradojas y Topología	Gil	Bor	<a href="mailto:gil@cimat.mx">gil@cimat.mx</a>
Sincronización y Caos	Joaquin	Escalona Segura	<a href="mailto:joaquin@uaem.edu.mx">joaquin@uaem.edu.mx</a>
Flores, Frutos y Evolución	Mirna Ethel	Canul Montañez	<a href="mailto:mcanul@ecosur.mx">mcanul@ecosur.mx</a>
Ingeniería Genética	Yuri Jorge	Peña Ramírez	<a href="mailto:ypena@ecosur.mx">ypena@ecosur.mx</a>
Bioacústica	Griselda	Escalona Segura	<a href="mailto:gescalon@ecosur.mx">gescalon@ecosur.mx</a>
Mamíferos	Rafael	Reyna Hurtado	<a href="mailto:rreyna@ecosur.mx">rreyna@ecosur.mx</a>
Metagenómica	Aileen	O'Connor Sánchez	<a href="mailto:aileen@cicy.mx">aileen@cicy.mx</a>
Transgénicos	Laura	Tovar Castillo	<a href="mailto:ltovar@conacyt.mx">ltovar@conacyt.mx</a>
	Rosa Inés	González Torres	<a href="mailto:rgonzalez@conacyt.mx">rgonzalez@conacyt.mx</a>



# Monitores

Salomé	Mosqueda Guzmán	<a href="mailto:sali_5@hotmail.com">sali_5@hotmail.com</a>	9811680642
Elías	Pérez Canto	<a href="mailto:eliasperezcanto@hotmail.com">eliasperezcanto@hotmail.com</a>	9811166677



# Material de los Cursos



# Nutrición y desarrollo

Instructor: Dr. Francisco Gurri García

El Colegio de la Frontera Sur. Unidad Campeche

Email: [fgurri@ecosur.mx](mailto:fgurri@ecosur.mx)

Página web:

[http://bdi.ecosur.mx/personal/informaciongeneral.aspx  
?ID=GurriFrancisco](http://bdi.ecosur.mx/personal/informaciongeneral.aspx?ID=GurriFrancisco)



INSTITUTO NACIONAL DE  
CIENCIAS MÉDICAS  
Y NUTRICIÓN  
SALVADOR ZUBIRÁN

DEPARTAMENTO DE  
NUTRICIÓN APLICADA Y  
EDUCACIÓN NUTRICIONAL

**Coordinadores**

Gabriel Saucedo  
Antonio Villa  
Carlos Aguilar  
Adolfo Chávez

**Autores**

Magda R. Aparicio  
Luis A. Estrada  
Carlos Fernández  
Rosa Ma. Hernández  
Michelle Ruiz  
Denise Ramos  
Maritza Rosas  
Elsa Valverde  
Estela Ángeles

**Diseño Gráfico**

Jorge Velázquez  
Depto. Educación para  
la Salud



Presentación .....	1
Introducción a la Antropometría .....	2
Descripción, instalación y uso adecuado de los instrumentos de medición .....	3
Condiciones generales para la toma de las mediciones antropométricas .....	4
A) Requisitos para la toma de las mediciones antropométricas .....	4
B) Plano anatómico para la toma de mediciones antropométricas .....	4
C) Condiciones generales para la toma de pliegues cutáneos .....	5
D) Condiciones generales para la toma de las circunferencias .....	5
Medición del peso .....	6
Medición de la estatura .....	6
Medición de circunferencias .....	7
A) Circunferencia Media de brazo .....	7
B) Cintura .....	7
C) Cadera .....	8
Medición de pliegues cutáneos .....	9
A) Pliegue Bicipital .....	9
B) Pliegue Tricipital .....	10
C) Pliegue Subescapular .....	10
D) Pliegue Suprailíaco .....	11
E) Pliegue de pierna .....	11
Impedancia bioeléctrica .....	12
Guía para el Análisis de Antropometría ...	13
Apéndice	

## Presentación

La elaboración de este manual tiene como objetivo, además de los conocimientos que aporta sobre el tema de la antropometría, el ser utilizado como una propuesta didáctica alternativa. La realización de un curso de antropometría ha sido una excelente oportunidad para conocer nuevas opciones didácticas para el proceso de enseñanza-aprendizaje. Dentro de esta actividad, el profesor se convirtió en un coordinador del grupo y posteriormente se transformó en parte activa y receptiva del mismo.

Para llevar a cabo esta propuesta, se requiere que las relaciones que se establezcan dentro del grupo sean de manera dinámica y horizontal, creándose así una responsabilidad en el ámbito del aprendizaje de forma compartida y colectiva; que permite la fusión del conocimiento del coordinador con el aprendizaje y la práctica de los alumnos.

Esta alternativa didáctica, que se concretó en la elaboración del **Manual de Antropometría**, se desarrolló de la siguiente manera:

- El profesor expuso el tema "Antropometría y Estandarización como técnicas de investigación".
- Los alumnos registraron en sus notas la exposición del profesor.
- El profesor hizo una demostración de las diferentes técnicas antropométricas.
- Los alumnos hicieron un registro de las técnicas antropométricas.
- El profesor coordinó una práctica entre los alumnos para utilizar dichas técnicas.
- Los miembros del grupo (profesor y alumnos) realizaron prácticas de medición antropométrica unos a otros.

## Índice

- Los miembros del grupo elaboraron una propuesta para la estructura del curso.
- Los miembros del grupo elaboraron una síntesis de los aspectos más importantes de éste.
- Los miembros del grupo estructuraron un manual sobre las técnicas de antropometría practicadas durante la capacitación.

En las dos semanas de duración del curso, se pudo notar que, día con día, los alumnos hacían suyos los conocimientos del tema. Así, cada integrante del grupo se fue convirtiendo en parte de un equipo con el fin de compartir la nueva experiencia aprendida.

Al final del proceso, se logró la formación de nuevos capacitadores para la toma de las medidas antropométricas; y todo el conjunto de actividades se materializó en la realización de este manual y en un video elaborado por los miembros del equipo de trabajo.

## Introducción

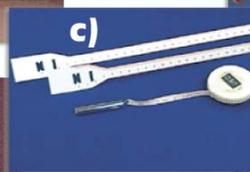
La antropometría se ocupa de la medición de las variaciones en las dimensiones físicas y la composición del cuerpo humano a diferentes edades y en distintos grados de nutrición. Las mediciones antropométricas más comunes tienen por objeto determinar la masa corporal expresada por el peso, las dimensiones lineales como la estatura, la composición corporal y las reservas de tejido adiposo y muscular, estimadas por los principales tejidos blandos superficiales: la masa grasa y la masa magra. Es indudable que las magnitudes físicas del cuerpo están determinadas por varios factores entre ellos la nutrición, particularmente en la etapa de crecimiento rápido de la primera infancia. Por consiguiente, determinados índices antropométricos pueden proporcionar valiosa información sobre ciertos tipos de mala nutrición que afectan a la composición general del cuerpo.

## Descripción, instalación y uso adecuado de los instrumentos de medición.

El lugar donde se realicen las mediciones debe ser: amplio, limpio e iluminado preferentemente con luz de día. Es importante instalar los instrumentos en lugares seguros que tengan paredes lisas, verticales y pisos planos.

Además, no debemos olvidar revisar el equipo antes de toda medición. El equipo básico que emplearemos para la antropometría es:

- a) Báscula electrónica
- b) Estadímetro
- c) Cintas de fibra de vidrio
- d) Plícometro
- e) Equipo de impedancia bioeléctrica (incluye aparato, electrodos y cables)



## Condiciones generales para la toma de mediciones antropométricas

### A) Requisitos para la toma de mediciones antropométricas

Es necesario que los individuos cumplan con los siguientes puntos:

- 1) Estar en ayuno por lo menos de 8 horas.
- 2) Vestir ropa ligera y sin algún material o accesorio que pese (llaves, monedas, anillos, reloj, etc.).
- 3) Descalzos y sin calcetines.
- 4) No presentar edema.\*

Para la toma de la impedancia bioeléctrica, el individuo además de lo anterior debe:

- 1) No vestir con alguna prenda o ropa de nylon que pueda interferir con la medición de impedancia bioeléctrica.
- 2) No haber realizado esfuerzo físico previo a la medición.
- 3) No haber ingerido alcohol.
- 4) No estar en etapa de embarazo\*
- 5) No presentar amputación de extremidades del cuerpo.\*
- 6) No presentar atrofia muscular o deformación del sistema esquelético.\*

*\*Estas condiciones fisiológicas deben preguntarse y observarse.*

### B) Plano anatómico para la toma de mediciones antropométricas

- 1) De pie.
- 2) Postura erguida y vista al frente.
- 3) Brazos extendidos hacia los costados.
- 4) Palmas de las manos tocando ligeramente los costados del muslo.
- 5) Piernas sin flexionar.
- 6) Talones juntos y puntas de los pies ligeramente separadas.



### C) Condiciones generales para la toma de pliegues cutáneos

1. Sujetar el pliegue con los dedos índice y pulgar; pellizco moderado sin causar dolor.
2. Colocar el plicómetro de forma perpendicular a la cresta del pliegue.
3. Las ramas del plicómetro se colocan de 1-2 cm en forma distal al pellizco.
4. Realizar la lectura después de 2-3 segundos de que las ramas del plicómetro ejerzan libremente la presión sobre el pliegue.
5. La lectura se realiza en milímetros.
6. La lectura se realiza al milímetro que se vea inmediatamente por arriba de la zona de superposición de la aguja.
7. Retire el plicómetro abriendo las ramas del mismo y posteriormente retire los dedos.



### D) Condiciones generales para la toma de las circunferencias

- 1) Localizar y marcar los puntos anatómicos de referencia.
- 2) Colocar la cinta en plano horizontal.
- 3) La cinta no debe hacer presión o surco sobre la piel.
- 4) La lectura se realiza en centímetros y con aproximación a un décimo.

5

## Medición del peso

El peso es la determinación antropométrica más común. Es de gran utilidad para observar la deficiencia ponderal en todos los grupos de edad.

Para la correcta medición, el sujeto debe estar en posición erecta y relajada, de frente a la báscula con la vista fija en un plano horizontal. Las palmas de las manos extendidas y descansando lateralmente en los muslos; con los talones ligeramente separados, los pies formando una V ligera y sin hacer movimiento alguno. Esta medición se efectuará por duplicado.



## Medición de la estatura



La estatura de un individuo es la suma de 4 componentes: las piernas, la pelvis, la columna vertebral y el cráneo.

El sujeto deberá estar de espaldas, haciendo contacto con el estadímetro (colocado verticalmente), con la vista fija al frente en un plano horizontal; los pies formando ligeramente una V y con los talones entreabiertos. El piso y la pared

donde esté instalado el estadímetro deben ser rígidos, planos (sin bordes) y formar un ángulo recto (90°). Se deslizará la parte superior del estadímetro y al momento de tocar la parte superior más prominente de la cabeza. Se tomará la lectura exactamente en la línea roja que marca la estatura. Esta medición se realizará por duplicado.

6

## Medición de circunferencias

### A) Circunferencia media de brazo

Expresa la reserva actual de tejido adiposo, y sirve como referencia para la toma de los pliegues.

Para tomar esta circunferencia es necesario medir de inicio la longitud del brazo; con el antebrazo derecho doblado hacia el frente (en un ángulo de 90°) perpendicular al cuerpo y con el dorso de la mano hacia fuera del cuerpo. La longitud se determinará colocando la cinta en el vértice superior del acromion del omoplato hasta el olécranon del cúbito (y la cabeza del radio), cuidando que la cinta permanezca extendida firmemente sin hacer contacto directo con el brazo; utilizando el observador sus dedos índices de ambas manos para hacer la determinación. Es recomendable que una vez localizado el punto medio se marque con un bolígrafo para no errar la medición.

El individuo deberá estar relajado, descubierto (sin suéter, camisa o playera), erguido, de perfil, los brazos descansando en los muslos. A continuación se extiende el brazo del sujeto para pasar la cinta métrica horizontalmente (alrededor del brazo), sin presionar, y haciendo contacto con la piel. En ese momento es cuando se toma la lectura de la circunferencia. Esta medición se realizará por triplicado.

### B) Cintura

El individuo deberá estar relajado, erguido, de perfil; los brazos descansando sobre los muslos y el abdomen descubierto, en la posición descrita. Se palpa el borde costal inferior y el borde superior de la cresta ilíaca, ambos del lado derecho. Con la cinta métrica se toma la distancia media vertical y después se hace lo mismo del lado izquierdo. Una vez marcada la media en los dos lados con un bolígrafo, se coloca la cinta -sin comprimirla- alrededor de la cintura para medir la circunferencia tomando la lectura correspondiente. La medición será por triplicado.

7

### C) Cadera

El sujeto debe estar relajado y descubierto de la parte que comprende la cadera para palpar los trocánteres mayores de la cabeza del fémur.

Cuando se hayan localizado los trocánteres se coloca la cinta métrica sin comprimirla alrededor de éstos, en su circunferencia máxima y se procede a realizar la lectura. Ésta se efectuará por triplicado.



8

## Medición de pliegues cutáneos

Es la valoración de los depósitos de grasa en la que se determina el grosor del pliegue cutáneo en varios sitios corporales como son los miembros superiores, abdomen, extremidades inferiores, etc. Un pliegue cutáneo mide indirectamente el grosor del tejido adiposo subcutáneo.

La medición se practicará pidiendo al individuo que esté relajado. El pliegue formado de manera paralela al eje longitudinal con el pulgar y el índice de la mano izquierda, se separará del músculo subyacente y se medirá en ese punto, colocando el plicómetro perpendicular al pliegue. La lectura de la medida se realiza a los 2 ó 3 segundos después de haber colocado el plicómetro.

### A) Pliegue bicipital

Se medirá el pliegue vertical en la parte media frontal del brazo, directamente arriba de la fosa cubital; al mismo nivel del pliegue tricipital y de la marca del punto medio del brazo.



9

### B) Pliegue tricipital

El brazo deberá colgar ligeramente al costado. Se toma el pliegue a la altura del punto medio del brazo.



### C) Pliegue subescapular

El sitio de medición corresponderá al ángulo interno debajo de la escápula y deberá tener un ángulo de 45° en la misma dirección del borde interno del omóplato (o sea hacia la columna vertebral). En sujetos obesos se deberá desprender enérgicamente el pliegue del músculo subyacente y esperar varios segundos a que el plicómetro deje de moverse para que la medición se pueda realizar.



10

#### D) Pliegue suprailíaco

Se medirá justamente por arriba de la cresta ilíaca, de 1 a 2 centímetros en referencia a la línea axilar media, en forma oblicua y en dirección hacia la zona genital.



#### E) Pliegue de pierna

El pliegue se deberá medir a la altura de la máxima circunferencia de pantorrilla o en el punto medio entre la rodilla y la base del talón. El sujeto debe estar erguido y relajado; el pliegue se toma en posición vertical para facilitar la colocación horizontal del plicómetro y llevar a cabo la medición.

11

### Impedancia bioeléctrica

Esta medición es muy útil ya que por sí misma nos refiere la cantidad de masa muscular y la masa grasa. Para esta medición, es necesario que el área este libre de grasa, sudor, etc; de tal forma que sea fácil pegar los electrodos.

En esta medición es importante colocar los 4 electrodos de la siguiente manera:

- Dos en el pie: uno, en el empeine y otro, cerca del tobillo.
- Dos, en la mano: uno, en el dorso y el otro en la muñeca.

La forma más correcta de realizar la impedancia es en decúbito, sin embargo opcionalmente podemos realizarla de pie, ya que es mucho más fácil.

No debemos olvidar que tenemos que extremar precauciones en el caso de que sea una mujer embarazada, o que el paciente tenga marcapasos.

El aparato para realizar esta medición nos pide algunos datos como son:

SEXO  
EDAD  
PESO  
TALLA  
HORAS DE EJERCICIO POR SEMANA

12

## GUÍA PARA EL ANÁLISIS DE ANTROPOMETRÍA

**Índice de Masa Corporal:** Se determina según el criterio de la OMS<sup>(1)</sup>, a través de la siguiente fórmula:

$$IMC = \text{Peso (Kg)} / (\text{Talla m})^2$$

	Puntos de Corte IMC
Bajo Peso	<18.5
Normal	18.5 - 24.9
Sobrepeso	25 - 29.9
Obesidad Grado I	30 - 34.9
Obesidad Grado II	35 - 39.9
Obesidad Grado III	≥40

**Nota:** Para facilitar la comparación internacional, los reportes de investigación pueden utilizar todas las categorías (ie, 18.5, 20, 23, 25, 27.5, 30, 32.5, 35, 37.5, 40 kg/m<sup>2</sup>). Una discusión más amplia puede verse en: Lancet-vol 363, 157-63. January 10, 2004.

**Estado Nutricional:** En niños menores de 5 años, se calcula mediante la comparación de indicadores antropométricos con las tablas del NCHS<sup>(2)</sup>. El resultado del contraste se expresa en unidades estandarizadas a la normalidad (standard deviation SD = score z) y se da la siguiente

Indicadores Antropométricos		
Peso/Edad	Talla/Edad	Puntos de Corte
Obesidad	Muy Alta	> +2 SD
Sobrepeso	Alta	> +1 SD
Normalidad	Normal	+1 a -1 SD
Desnutrición Leve	Déficit Leve	-1 a -1.99 SD
Desnutrición Moderada	Déficit Moderado	-2 a -2.99 SD
Desnutrición Grave	Déficit Grave	-3 o más

**Obesidad Central:** Se toman los criterios de la OMS<sup>(3)</sup>, utilizando los siguientes indicadores:

Indicadores	Obesidad Central	
	Mujeres	Hombres
Circunferencia de Cintura	> 88 cm	> 102 cm
Índice Cintura/Cadera	> 0.85	> 0.90

13

**Porcentaje de Grasa Corporal:** Se aplica la ecuación de Siri<sup>(4)</sup>,

**Grasa Corporal Total de 4 Pliegues:**

1. Medidas de cuatro pliegues en mm (tríceps, subescapular, supraíliaco y bíceps).
2. Peso corporal en kg.
3. Agregar la ( $\Sigma$ ) de pliegues.
4. Calcular el logaritmo de  $\Sigma$ .
5. Calcular la densidad corporal (D).
6. Calcular la masa grasa (FM).

$$\text{Fórmulas: FM (kg)} = \text{Peso Corporal (kg)} \times \left\{ (4.95/D) - 4.5 \right\}$$

$$\text{FFM (kg)} = \text{Peso Corporal (kg)} - \text{FM (kg)}$$

$$\% \text{ Grasa} = \left\{ (4.95/D) - 4.5 \right\} \times 100$$

**Estimación de la densidad corporal del logaritmo de la suma de cuatro pliegues cutáneos<sup>(5)</sup>**

Género	Rango de Edad (años)	Densidad Corporal D
Hombres	17 - 19	1.1620 - 0.0630 x (log $\Sigma$ )
	20 - 29	1.1631 - 0.0632 x (log $\Sigma$ )
	30 - 39	1.1422 - 0.0544 x (log $\Sigma$ )
	40 - 49	1.1620 - 0.0700 x (log $\Sigma$ )
	50 +	1.1715 - 0.0779 x (log $\Sigma$ )
Mujeres	16 - 19	1.1549 - 0.0678 x (log $\Sigma$ )
	20 - 29	1.1599 - 0.0717 x (log $\Sigma$ )
	30 - 39	1.1423 - 0.0632 x (log $\Sigma$ )
	40 - 49	1.1333 - 0.0612 x (log $\Sigma$ )
	50 +	1.1339 - 0.0645 x (log $\Sigma$ )

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Report of a WHO Expert Committee. Physical Status: The Use and Interpretation of Anthropometry. Geneva: WHO Technical Report Series, No. 854, 1995.
2. Norma Oficial Mexicana, para la Atención a la Salud del Niño. NOM-031-SSA2-1999.
3. Lim SC, Tai ES, Tan BY, Chew SK, Tan CE. Cardiovascular Risk Profile in Individuals with Borderline Glycemia. The Effect of the 1997 American Diabetes Association Diagnostic Criteria and the 1998 World Health Organization Provisional Report. Diabetes Care 23:278-82, 2000.
4. Krey SH, Murray RL. Dynamics of Nutrition Support. Appleton-Century-Crofts, Norwalk, 1986:165.
5. Durnin J.V.G.A and Womersley J. Body fat assessed from total body density and its estimation from skinfold thickness measurements on 481 men and women aged from 16 to 72 years. Br.J.Nutr. (1974) 32-77

14

# Apéndice

## Hoja de Recolección de Datos de Antropometría

Observador _____	Observado _____		
Medida	1ª	2ª	3ª
peso	[ ][ ][ ][ ][ ] kg	[ ][ ][ ][ ][ ] kg	
talla	[ ][ ][ ][ ][ ] cm	[ ][ ][ ][ ][ ] cm	
pliegue bicipital	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm
pliegue tricpital	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm
pliegue subescapular	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm
pliegue suprailiaco	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm
cintura	[ ][ ][ ][ ][ ] cm	[ ][ ][ ][ ][ ] cm	[ ][ ][ ][ ][ ] cm
cadera	[ ][ ][ ][ ][ ] cm	[ ][ ][ ][ ][ ] cm	[ ][ ][ ][ ][ ] cm
circunf. medio-braquial	[ ][ ][ ][ ] cm	[ ][ ][ ][ ] cm	[ ][ ][ ][ ] cm
pliegue pierna	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm	[ ][ ][ ][ ] mm

Diseño Gráfico / Jorge Velázquez / Depto. Educación para la Salud (INNSZ)



### MANUAL DE ANTROPOMETRÍA

Segunda Edición, 2004  
Incluye manual impreso

ISBN 968-6499-42-3

Derechos Reservados

© Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán,  
Vasco de Quiroga No. 15, Col. Sección XVI, Tlalpan, C.P. 14000  
México, D. F.

Impreso y Hecho en México,  
Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán





# Astronomía

Instructor: Dr. Abraham Luna Castellanos

Instituto Nacional de Astrofísica, Óptica y Electrónica

Email: [aluna@inaoep.mx](mailto:aluna@inaoep.mx)



Taller de astrofísica en el que les hablare de los fundamentos Físicos de la astronomía y del funcionamiento de los telescopios y radiotelescopios. Mostrare como armar un radio-telescopio amateur para observación del Sol. Se harán pruebas con dicho instrumento y si el tiempo y clima lo permite observaremos por la noche con un telescopio óptico que puede ser construido a bajo costo.

Requisitos generales y dinámica del taller: El taller consiste diariamente en exposición de mi parte, construcción de los telescopios y observación.

Anexo un manual referente al radiotelescopio. No se requiere que los asistentes tengan el material, pero sería ideal intentar hacer uno para Campeche y que se quede en alguna prepa local en manos de algún club o chavos inquietos. En el siguiente link podrás descargar una presentación del telescopio óptico.

[http://www.inaoep.mx/~aluna/intenta\\_TU\\_telescopio.ppt](http://www.inaoep.mx/~aluna/intenta_TU_telescopio.ppt)



# Ecología

Instructor: Dr. Miguel Ángel Martínez

El Colegio de la Frontera Sur Unidad Campeche

Email: [mmartinez@ecosur.mx](mailto:mmartinez@ecosur.mx)



# ¿CÓMO CONTAR ANIMALES EN SU MEDIO SILVESTRE?

## LA UTILIDAD DE LAS MATEMÁTICAS

Dr. Miguel Angel Martínez Morales  
ECOSUR, Campeche

BASES CONCEPTUALES

### ESTIMACIÓN DE LA ABUNDANCIA



## ¿Por qué estimar la abundancia de la fauna silvestre?

- Para conocer el tamaño de una población
- Para conocer las tendencias de una población a través del tiempo
- Para comparar el tamaño de una población con otra
- Para correlacionar cambios espacio-temporales en el tamaño de una población en función de variables de interés

## Estimadores de abundancia

- **Estimaciones absolutas:**
  - Censo del número de individuos en una población
  - Cálculo de una densidad
    - Ejemplo: individuos / ha
  - Métodos:
    - Teoría del muestreo de distancias
    - Captura-recaptura
- **Estimaciones relativas:**
  - Número de individuos por alguna unidad de esfuerzo de muestreo
    - Ejemplo: individuos / kilómetro recorrido



### EJEMPLO

## ESTIMEMOS LA ABUNDANCIA DE UNA POBLACIÓN DE PAVA COJOLITA (*Penelope purpurascens*)

En la mayoría de las especies de fauna silvestre es difícil contar todos los individuos de una población.

Por lo tanto, la abundancia de individuos en una población la podemos conocer calculando su densidad en una determinada área.

Recordemos que la densidad es el número de individuos por unidad de área.



Pero...

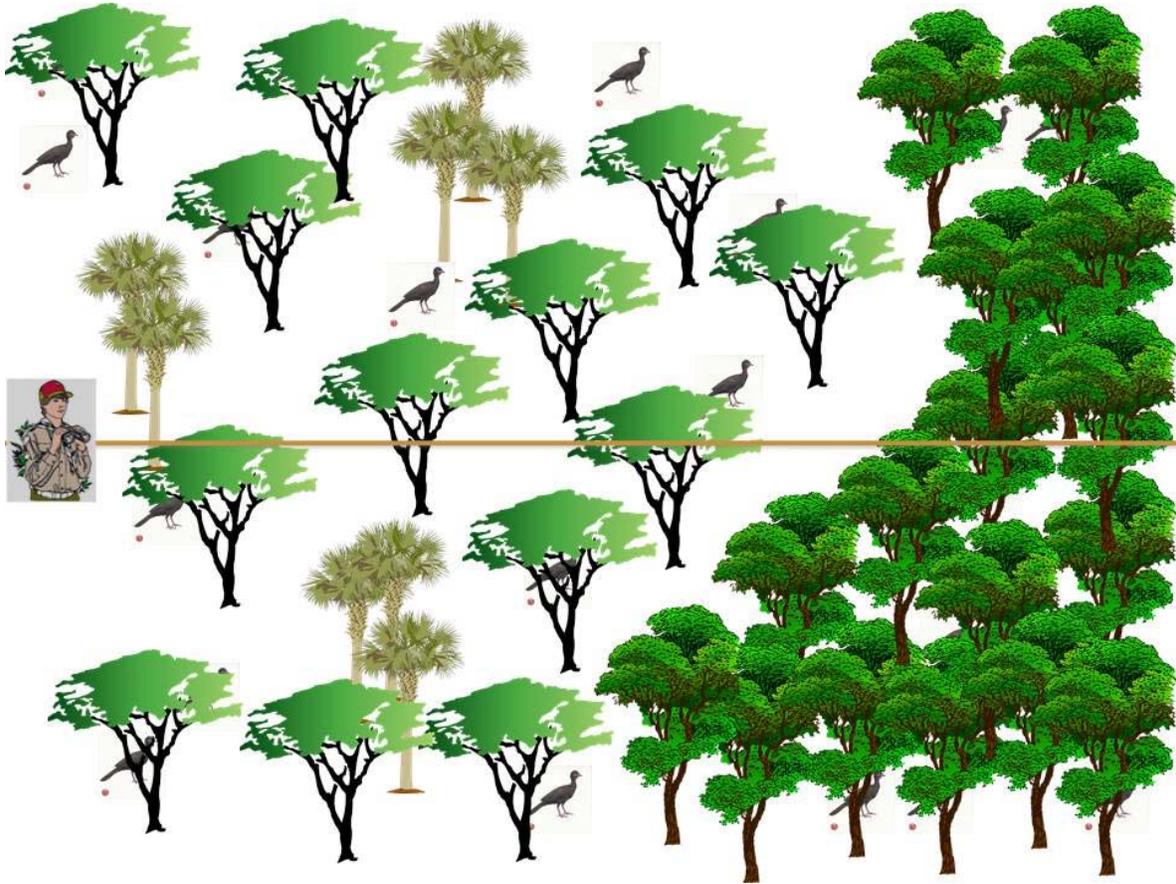
muchos de los individuos pueden no ser detectados.



y sin embargo,...

es importante hacer una estimación robusta del tamaño poblacional de las pavas.

Para esto, tenemos que recorrer el bosque a través de un sendero y contar todas las pavas que encontremos.



Para poder estimar la densidad de pavas a partir de los individuos que detectemos en nuestra área de estudio, necesitamos calcular cuál es nuestra área de muestreo:

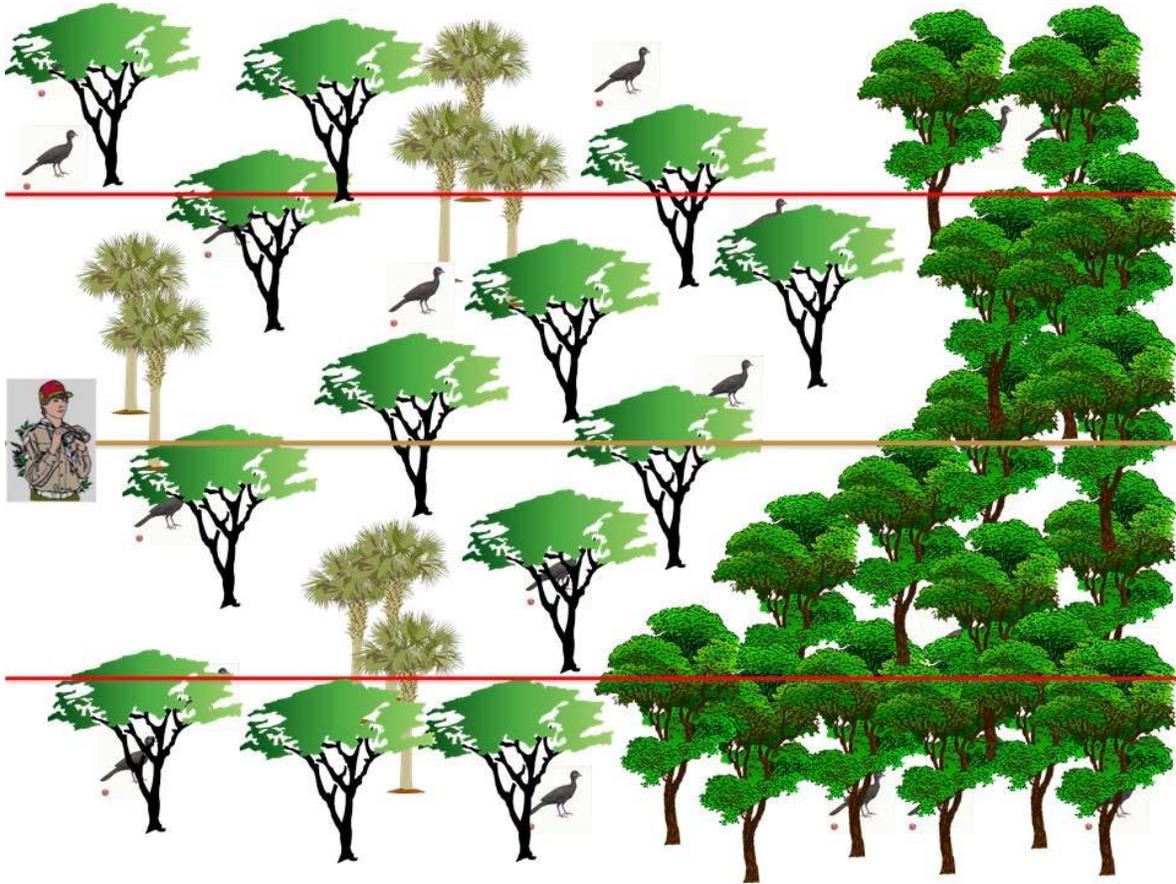
si medimos el sendero que recorreremos, podemos conocer su longitud; pero,...

también necesitamos calcular el ancho de nuestra área de muestreo.



## ¿Cómo definir el ancho de nuestra área de muestreo?

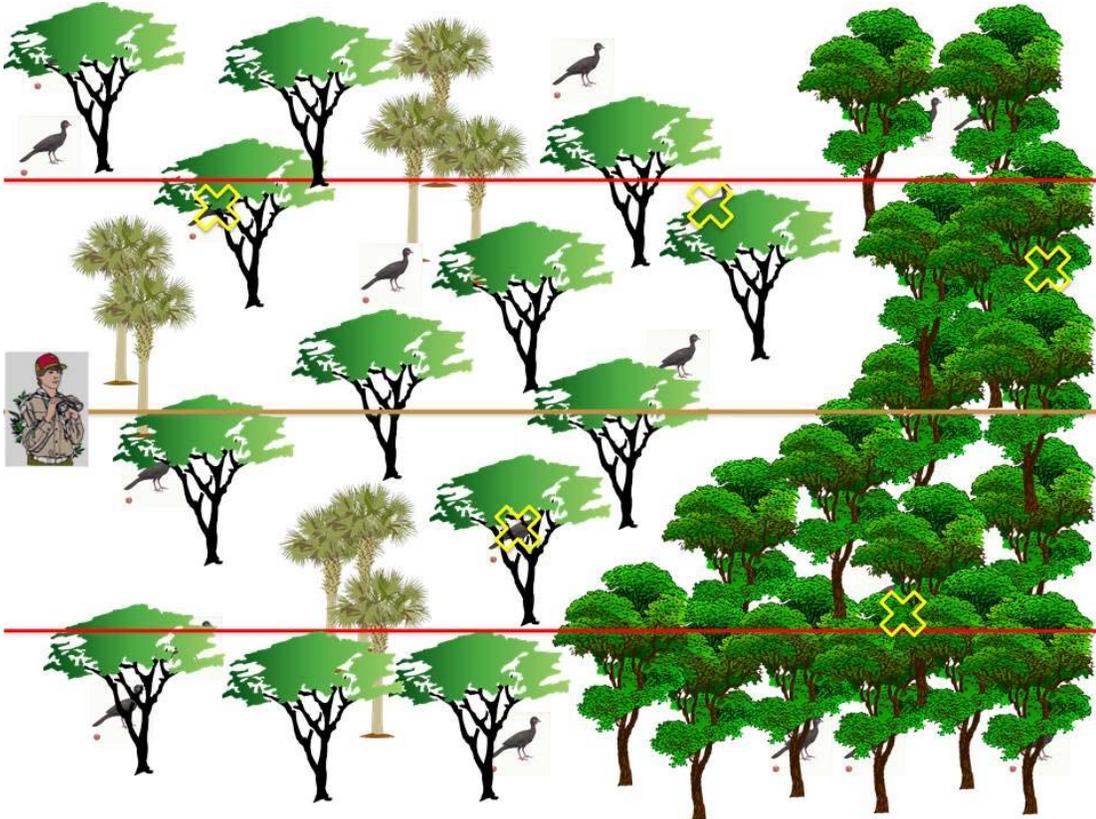
Por ejemplo, podríamos decir que el ancho de nuestra área de muestreo es la distancia hasta donde llega nuestra visión para detectar a las pavas.



Pero,...

como algunos individuos pueden no ser detectados, lo más probable es que desconozcamos nuestra verdadera área de muestreo.

Esto generaría una subestimación o una sobreestimación de la densidad real de la población de pavas.



Por lo tanto,...

para poder estimar la densidad de la población de pava cojolita en nuestra área de estudio, antes tenemos que estimar nuestra área efectiva de muestreo.



AQUÍ ES DONDE VIENEN EN NUESTRO AUXILIO LAS MATEMÁTICAS  
**EL CÁLCULO DE LA DENSIDAD**



## Matemáticas

$$D = \frac{n}{a} = \frac{n}{2wL}$$

Donde:

$D$  = densidad

$n$  = número de individuos

$a$  = área

$w$  = ancho de banda del sendero

$L$  = largo del sendero

## Matemáticas

Sin embargo, como ya vimos, sólo una proporción de los objetos de interés en el área  $a$  es detectada.

Entonces:

$$D = \frac{n}{2wLP_a}$$

Donde:

$P_a$  = proporción de objetos detectados en el área  $a$

## Matemáticas

La probabilidad de detectar un objeto en el sendero está dada por:

$$P_a = \frac{\int_0^w g(x)dx}{w}$$

Resumiendo:

$$D = \frac{n}{2wLP_a} = \frac{n}{2wL \frac{\int_0^w g(x)dx}{w}} = \frac{n}{2L \int_0^w g(x)dx}$$

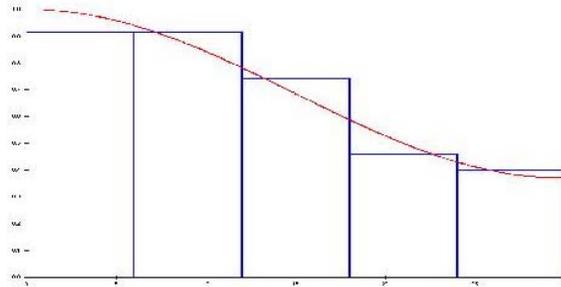
## Matemáticas

Por lo tanto, para conocer la densidad de la población de pava cojolita en nuestra área de estudio, debemos calcular la integral:

$$\int_0^w g(x)dx$$

# Matemáticas

$$\int_0^w g(x) dx$$



Esta integral se interpreta como el área bajo la curva de la probabilidad de detección en el intervalo de distancias de 0 a  $w$ . A partir de esto, podemos estimar nuestra área de muestreo y en consecuencia, la densidad de la pava.



APLICACIÓN DE LAS MATEMÁTICAS

## LA TEORÍA DEL MUESTREO DE DISTANCIAS



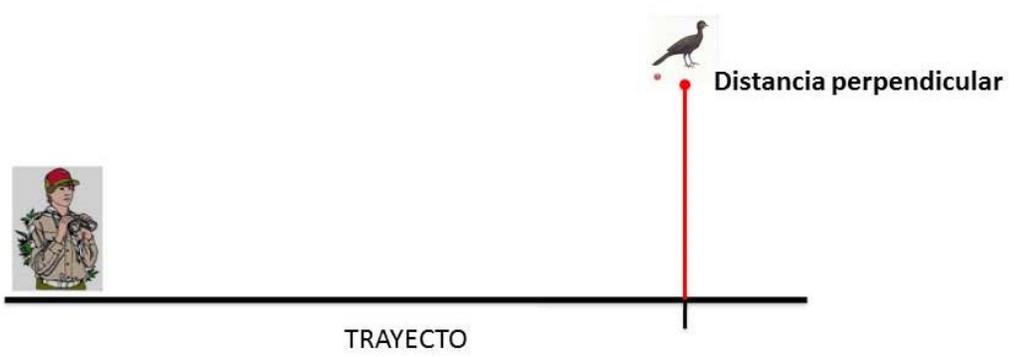
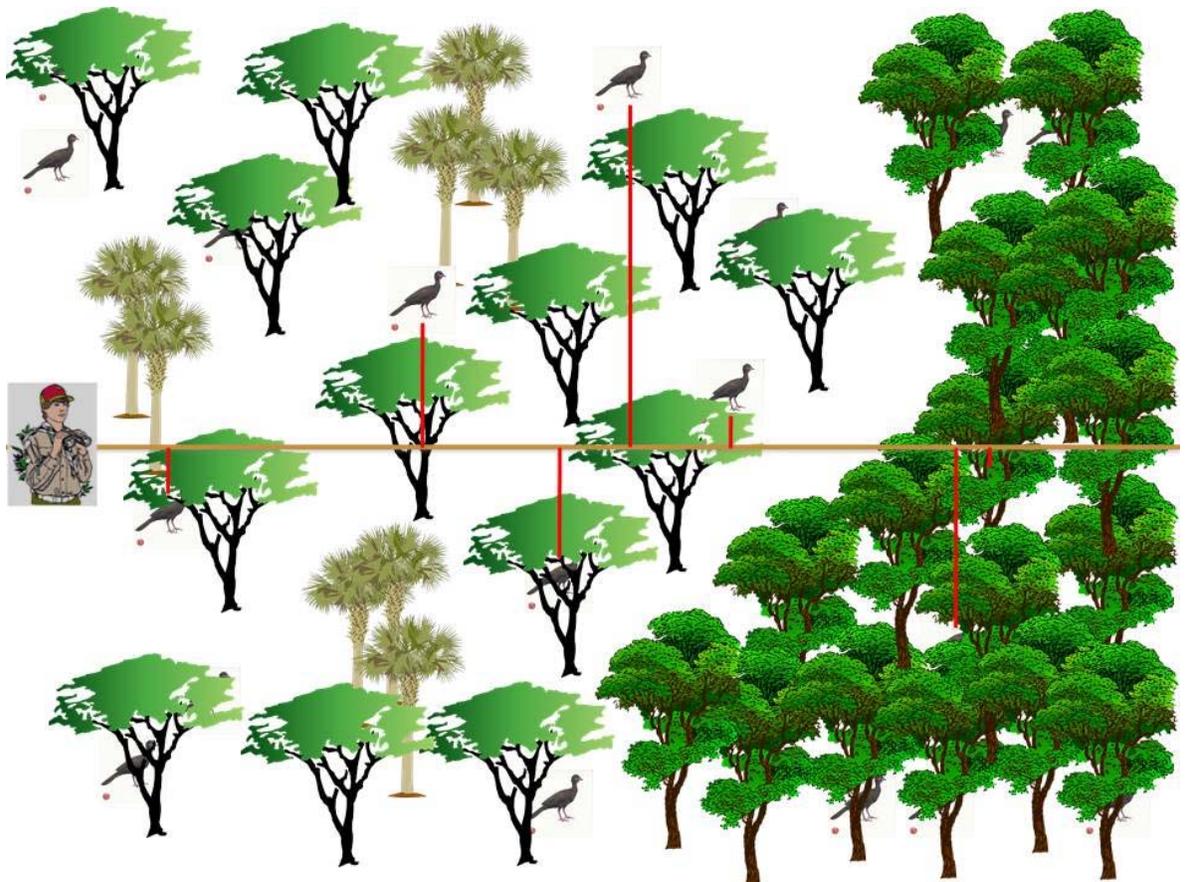
## Teoría del Muestreo de Distancias

- Es un conjunto de métodos en los que se registran las distancias a objetos de interés desde trayectos o puntos y, a partir de esto, se estima su densidad mediante modelos matemáticos.
- Objetos:
  - Individuos
  - Conjuntos de individuos
  - Señales de presencia (cantos, nidos, excretas, etc.)
- Métodos:
  - Trayectos en línea
  - Trayectos de puntos
  - Redes de trampas



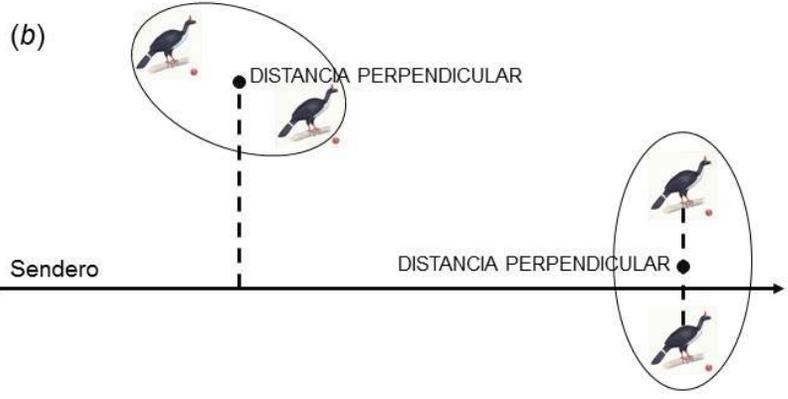
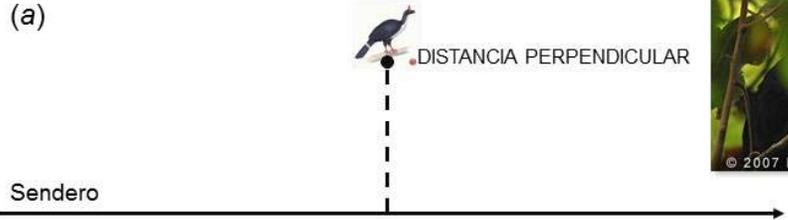
# Teoría del Muestreo de Distancias

- **Ventaja:**
  - No es necesario detectar a todos los objetos de interés
- **Supuestos:**
  - Los objetos sobre la línea del trayecto siempre son detectados
  - Los objetos son detectados en su posición original
  - Las distancias son medidas con precisión
- **Otros supuestos:**
  - Los objetos son identificados correctamente
  - La ubicación de los objetos es independiente de la posición de los trayectos
  - Las detecciones son eventos independientes



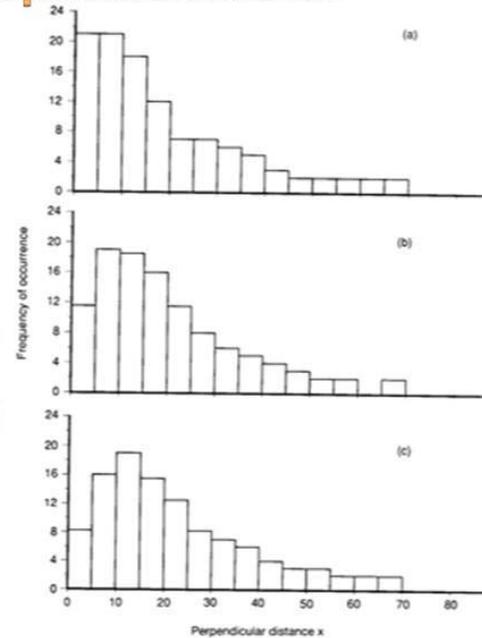


## Un breviario cultural

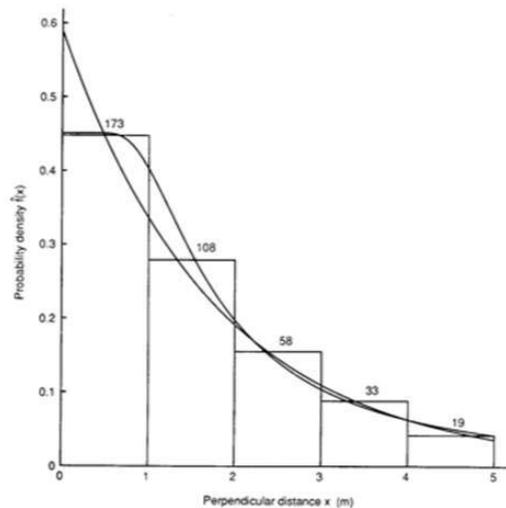


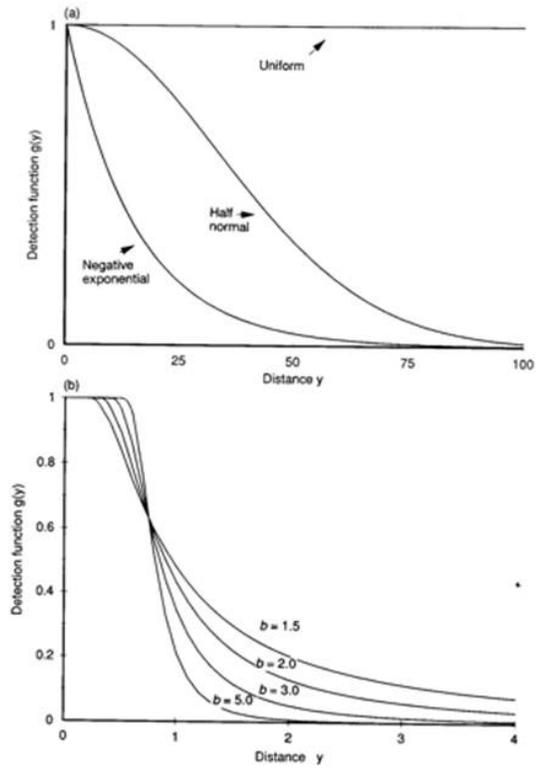
## Distribución de frecuencias de las distancias perpendiculares

- Distribución buena
- Distribución mala por problemas de muestreo



## Ejemplos de los modelos empleados para analizar los datos del muestreo de distancias





## ANÁLISIS DE DATOS

# PROGRAMA DISTANCE

# Interface

Distance - Line Transect Example - [Project Browser]

File View Tools Data Window Help

Data Layers: Contents of Observation layer 'Observation' and all fields from higher layers

Study area			Region			Line transect		Observation		
ID	Label	ID	Label	Area	ID	Label	Line length	ID	Perp distance	Cluster size
n/a	n/a	n/a	n/a	km2	n/a	n/a	n/a	n/a	m	[None]
Int	Int	Int	Int	Int	Int	Int	Int	Int	Int	Int
								1	7.9595	1
								2	10.2435	4
								3	12.4435	2
								4	3.76	3
								5	4.7777	7
								6	8.4531	3
								7	13.4136	2
						1	Line 1	5	5.8039	2
								8	7.4507	5
								9	11.4913	3
								10	0.8634	4
								11	9.2329	6
								12	12.5082	4
								13	6.0795	8
								14	3.1468	1
								15	6.3828	2
						2	Line 2	2	21.2129	3
								16	3.6497	4
								17	12.5634	4
								18	4.698	2
								19	17.6513	3
								20	14.549	1
						3	Line 3	6	5.1069	4
								21	4.21	2
								22	3.5765	5
								23	11.1619	4
								24	12.2269	2
								25	1.8459	3
						4	Line 4	4	35.8197	4
								26	2.6118	2
								27		
								28		
								29		
								30		

Inicio Distance - Line Trans... 17:19



# Paradojas y topología

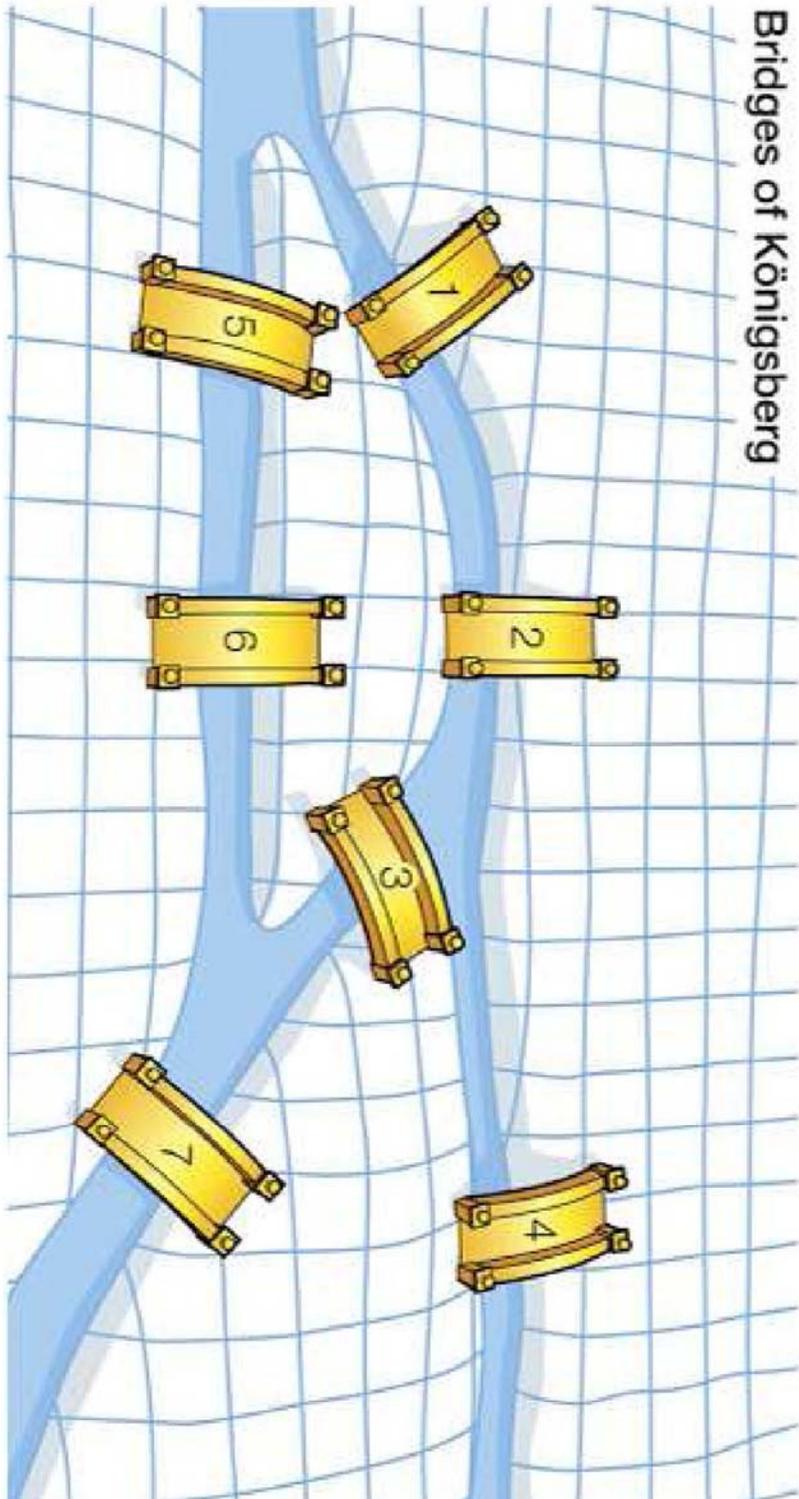
Instructor: Dr. Gil Bor

Centro de Investigación en Matemáticas AC (CIMAT)

Email: [gil@cimat.mx](mailto:gil@cimat.mx)

Página web: <http://personal.cimat.mx:8181/~gil/>

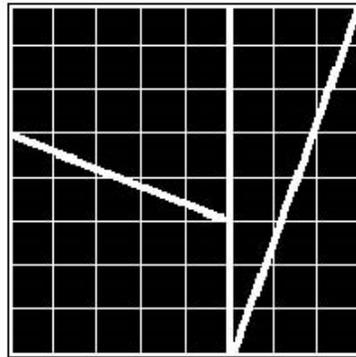
# Bridges of Königsberg



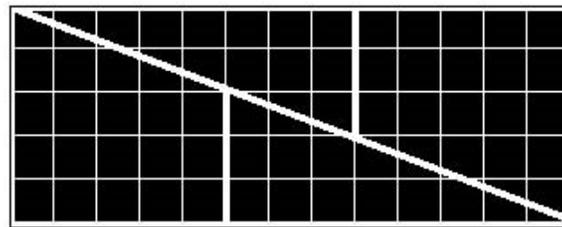
## Paradoja Geométrica

Toma un tablero de ajedrez de  $8 \times 8$  y córtalo en 4 piezas, como se muestra abajo. Luego, rearma las piezas en forma de un rectángulo con área mayor.

Aquí está el cuadrado original:

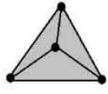


Rearmado, tenemos:

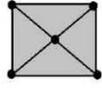


El área del cuadrado es  $8 \times 8 = 64$ , mientras que el área del rectángulo es  $13 \times 5 = 65$ . ¿Cómo es posible?

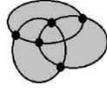
Geometría e imaginación -- Topología - la Característica de Euler



1



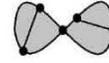
2



3



4



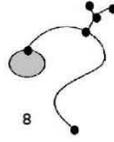
5



6



7



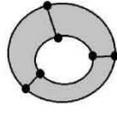
8



9



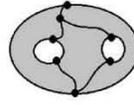
10



11



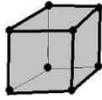
12



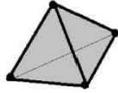
13



14



15



16



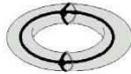
17



18



19



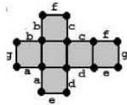
20



21



22



23



24



25



26



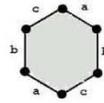
27



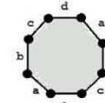
28



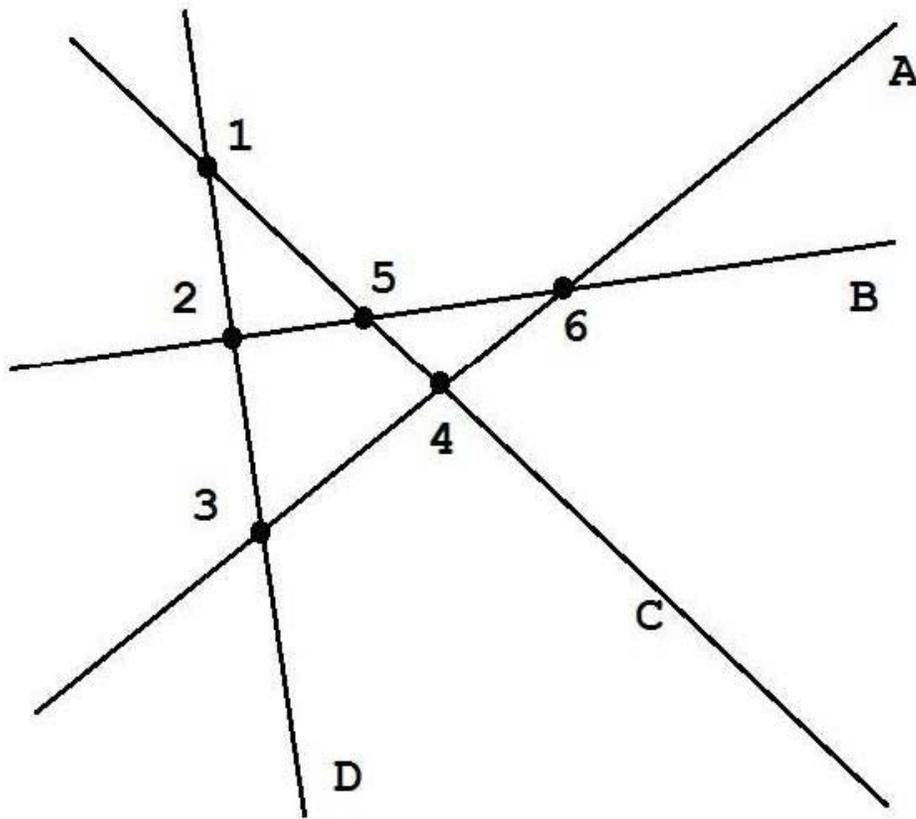
29



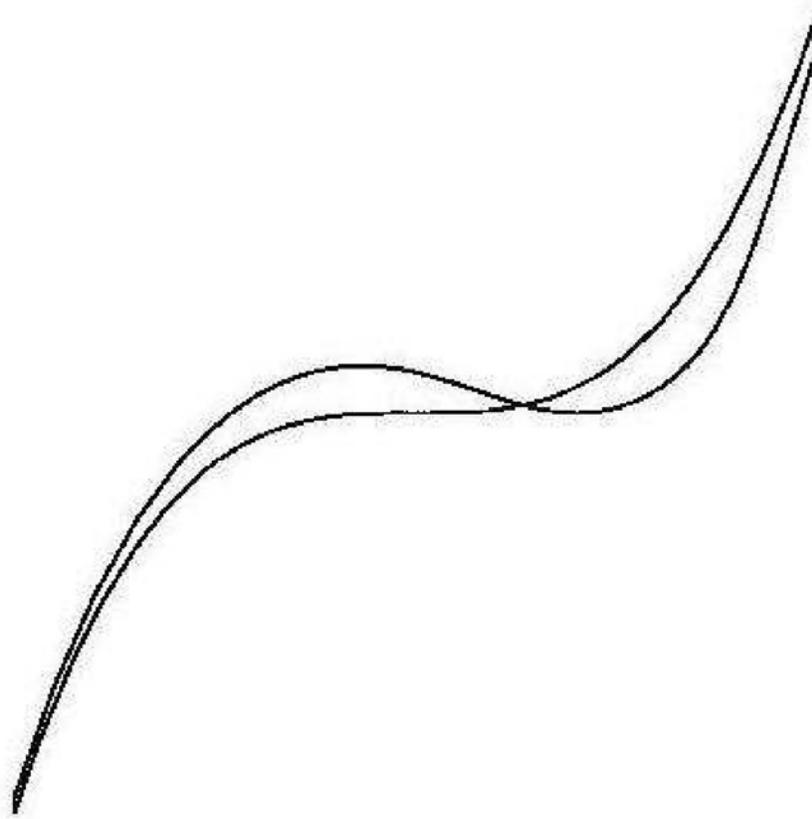
30



31



**Las 4 hormigas:**  
sobre cada recta camina una hormiga con  
velocidad constante. En 5 de las 6  
intersecciones se encontraron. Demuestra  
que también se encontraron en la sexta.



¿En qué dirección se fue la bicicleta?



# Ingeniería Genética

**Instructor: Dr. Yuri Jorge Peña Ramírez**

El Colegio de la Frontera Sur Unidad Campeche

Email: [ypena@ecosur.mx](mailto:ypena@ecosur.mx)

Página web: <http://bdi.ecosur.mx/personal/informaciongeneral.aspx?ID=RamirezYuri>

**Participan:**

**Dra. Laura Tovar**

**M en C. Rosa González**

**CIBIOGEM**



Vivimos en la época en la que es posible manipular la información genética. Esto trae enormes posibilidades y retos para su aplicación y para el conocimiento de la vida.

En este curso discutiremos sobre temas de flujo y expresión de la información genética, las técnicas de corta y pega molecular, la secuenciación masiva de genomas y la biología sintética. Los asistentes fabricarán un gen que codifique para una enzima imaginaria, conocerán cómo se realiza la clonación molecular y cómo se generan los organismos genéticamente modificados y cómo estos organismos pueden tener nuevas funciones útiles para la humanidad y para el ambiente. Realizaremos un experimento de extracción de ADN empleando ingredientes caseros de bajo costo y te podrás llevar tu molécula de ADN.



# Sincronización y Caos

Instructor: Dr. Joaquin Escalona Segura

Universidad Autónoma del Estado de Morelos

Email: [joaquin@uaem.mx](mailto:joaquin@uaem.mx)



En este curso realizaremos una breve introducción a la Teoría de los Sistemas Dinámicos y los estudiantes tendrán la oportunidad de aprender con imágenes geométricas diversos conceptos teóricos básicos. Durante el curso utilizaremos algunas simulaciones por computadora y videos para ilustrar los conceptos abordados. Además se mostrará una serie de ejemplos estudiados en diferentes áreas científicas, incluidas las biológicas, en los que el caos y/o la sincronización se manifiestan. Al final del curso nos proponemos jugar con un par de dispositivos mecánicos en los cuales en uno se podrá constatar el fenómeno de sincronización en sistemas no lineales acoplados y en el otro se puede observar un comportamiento caótico.



# Proyecto de Desarrollo Sustentable

Instructor: Dr. Otto Ortega Morales

Email: dgepi@uacam.mx

Instructora: Mtra. María Cecilia Liotti

Email: mcliotti@uacam.mx

Universidad Autónoma de Campeche



La investigación científica en nuestro país es determinante para el desarrollo socioeconómico de las zonas urbanas, pero su impacto es considerablemente significativo en zonas rurales y en Estados donde el crecimiento es emergente, como es el caso de Campeche. Por ello, cómo formular, elaborar y diseñar un proyecto es fundamental para impactar en áreas pertinentes como salud, uso y conservación de recursos naturales, biotecnología, energías renovables, cultura e incluso la política.

Existen por lo menos dos aspectos que sustentan fuertemente la importancia de un curso taller que enseñe a detectar los nichos de oportunidad por medio de la elaboración de proyectos con impacto en el desarrollo rural. Uno es el valor estratégico de los recursos bióticos y las actividades económicas vinculadas a ello en nuestra región. El otro es que la biotecnología se ha desarrollado en varios sectores como medicina, agrícola, pecuario, medio ambiente e industrial. Sus aplicaciones vienen alcanzando progresivamente una mayor variedad de acciones y productos en ramos de actividad, todos ellos de importancia en la economía nacional e internacional, como lo son el farmacéutico, la producción y procesado de alimentos, la industria química y la remediación de ecosistemas, entre otros. Los proyectos de desarrollo rural ofrecen una enorme riqueza para la aplicación del conocimiento de muchas disciplinas, el diálogo entre ellas y el aprendizaje de cómo generar programas de acción para el beneficio de las comunidades de manera sustentable y científica. ¿Te has preguntado alguna vez de qué forma puedes evitar que se desechen al año toneladas de mango? ¿Sabes cuánto cuesta el kilo de mango deshidratado en tiendas departamentales? ¿Sabes cuál sería el impacto de generar proyectos de energía renovable en comunidades rurales? El desarrollo y evaluación de una bioformulación microbiana para el control de la antracnosis (manchas del mango) bajo condiciones semicomerciales nos sirve para aprovechar la fruta. Energías renovables de bajo costo aplicadas a través de secadores solares nos permiten aprovechar recursos naturales típicos de las comunidades y comercializarlos en tiendas que son muy conocidas por todos; además, de detonar la economía de una comunidad. ¿Te imaginas proyectos de esta naturaleza en el 22% de la población de nuestro país? Cambiarían mucho la realidad de muchas comunidades, ¿no te parece? Todo esto permitiría integrar cadenas de valor



en productos vegetales de nuestro estado y generar riqueza en poblaciones vulnerables.

El taller es práctico y al término del mismo el alumno será capaz de identificar, reconocer y plasmar los elementos que conforman un proyecto agroindustrial y empresarial. Del mismo modo, conocerá las partes y los formatos más comunes, y se ejercitará en la correcta orientación y presentación de proyectos siguiendo los estándares de la ingeniería de proyectos.

## Metagenómica de suelos: grandes desafíos y nuevas oportunidades biotecnológicas

### Soil Metagenomics: new challenges and biotechnological opportunities

Hernández-León R, I Velázquez-Sepúlveda, MC Orozco-Mosqueda, G Santoyo

**Resumen.** El suelo es un sistema complejo que alberga una gran cantidad y diversidad de microorganismos. Hasta hace poco, sólo se podía tener acceso al estudio de un pequeño porcentaje de la microbiota que habita en este ecosistema. Actualmente, con la metagenómica se ha logrado conocer y estudiar en más detalle todo ese material genómico desconocido. Se han descubierto nuevas moléculas con aplicaciones biotecnológicas y se ha profundizado en entender mejor las diferentes interacciones microbiológicas en diversos ambientes, algunos con características extremas. En este ensayo se analizaron los trabajos más recientes en el área de la metagenómica, con énfasis en aquellos relacionados con el suelo. Asimismo, se describen los logros alcanzados por el proyecto Metacontrol (metagenómica de suelos supresores de enfermedades), y finalmente, proponemos los diferentes desafíos que ha de superar la metagenómica, así como las nuevas oportunidades biotecnológicas que surgen con esta nueva ciencia.

**Palabras clave:** Metagenómica; Suelo; Microorganismos.

**Abstract.** Soil is a complex system that includes a great number and diversity of microorganisms. Until recently, only a small percentage of the bioma was known and could be studied. Currently, it is possible to have a deeper knowledge of all that unknown genomic material with the development of new tools, like metagenomics. New molecules have been discovered with various biotechnological applications, and knowledge of the diverse microbiological interactions in several environments, some of them with extreme life conditions, is much higher. We analyze the most recent literature in the field of metagenomics in this study, especially that related with the soil. Achievements of the Metacontrol project (metagenomics of disease-suppressive soils) are also described. We finally propose various challenges to be overcome in metagenomics, and new biotechnological opportunities emerging with this new science.

**Keywords:** Metagenomics; Soil; Microorganisms.

## INTRODUCCIÓN

La metagenómica es una ciencia que surge como una rama de las ciencias genómicas, la cual se refiere al estudio del metagenoma de un nicho en particular (Handelsman, 2004; Riesenfeld et al., 2004). El metagenoma se puede definir como el total de ADN de una muestra ambiental. Hasta el momento, se han investigado metagenomas de diversos ambientes, incluyendo ecosistemas acuáticos, minas, suelos agrícolas y forestales, entre otros (Rondon et al., 2000; Wang et al., 2000; Lee et al., 2004; Tyson et al., 2004; Craig et al., 2009). Lo relevante de estos estudios es que cada uno de ellos ha mostrado diferentes aspectos para estudiar y analizar. En algunos casos, se han descubierto novedosos elementos genéticos que podrían tener aplicación en la industria (Rondon et al., 2000; Wang et al., 2009), mientras que en otros, han aportado novedosos aspectos de la ecología microbiana en un ecosistema en particular (Tyson et al., 2004).

Mediante técnicas convencionales de cultivo en laboratorio se ha estudiado la diversidad microbiana y sus metabolitos. En particular, se ha propuesto que entre 80-90% de los microorganismos que habitan el suelo son desconocidos (Alexander 1977). Esto representa una limitante para descubrir el verdadero potencial genético de estos sistemas. Al estudiar el metagenoma de un ambiente en particular, es muy probable que este consista en gran parte de bacterias u otros organismos no cultivables; sólo conocemos una pequeña proporción de éstos, los cuales podemos reproducir en condiciones de laboratorio (Handelsman 2004; Riesenfeld et al., 2004). De esta manera, el ADN metagenómico se puede clonar en vectores y expresar en diversos huéspedes procariotes, dependiendo de los objetivos del estudio (Rondon et al., 2000; Wang et al., 2000). Todo este material genético podría codificar nuevas o mejores actividades metabólicas. De la misma manera, se pueden emplear métodos de secuenciación masiva que generarán genomas completos de organismos no cultivables (Handelsman, 2004; Tyson et al., 2004).

### Metagenómica de la diversidad microbiana no cultivable

Los microorganismos son responsables de una parte importante de los ciclos biogeoquímicos, y por lo tanto, influyen significativamente en la vida terrestre. Sin embargo, nuestro conocimiento de la vida microbiana, y el papel que ésta juega en el ambiente, es todavía poco entendido. Más difícil aún es tratar de conocer la diversidad microbiana; por ejemplo, se ha estimado que existen alrededor de  $2 \times 10^6$  especies bacterianas en el ambiente marino, mientras que una muestra de suelo podría contener hasta  $4 \times 10^6$  diferentes taxa (Curtis et al., 2002). Esto indica que su estudio es un gran desafío de la microbiología actual.

Un problema obvio al que nos enfrentamos para conocer la diversidad microbiana, y en particular las bacterias, es que estas son invisibles para el ojo humano, por lo que

se han desarrollado métodos para cultivarlas en laboratorio (Handelsman, 2004).

Desafortunadamente, se estima que sólo un pequeño porcentaje (0,1 - 10%) de las bacterias son cultivables (Rondon, 1999). Esto implica que la gran mayoría de las bacterias son no cultivables, y por lo tanto, desconocidas para el ser humano. Una probable explicación es el desconocimiento de sus requerimientos nutricionales y fisiológicos para su crecimiento. Este hecho ha limitado enormemente nuestro conocimiento sobre la diversidad bacteriana. Para contrarrestar esta limitante, se han desarrollado métodos para poder aislar y amplificar el material genético de bacterias no cultivables en diferentes ambientes.

Una de las técnicas más usadas desde hace algunas décadas es la amplificación de los genes ribosomales que codifican para la subunidad 16S (ADNr 16S). Este marcador es una poderosa herramienta que ha sido ampliamente usada en clasificaciones filogenéticas, debido a que su secuencia es altamente conservada (Woese y Fox, 1977; Pace et al., 1986; Woese, 1987). La amplificación de los ADNr 16S se realiza por medio de la reacción en cadena de la polimerasa o PCR, por sus siglas en inglés, empleando oligonucleótidos o primers específicos. Esto se realiza para amplificar los ADNr 16S de bacterias u otros grupos como arqueobacterias. En el caso de organismos eucariontes, se emplean las secuencias ADNr 18S (Baker et al., 2003). Los 16S posteriormente se pueden clonar en vectores o plásmidos. Dichos vectores son transferidos a bacterias huésped como *Escherichia coli*, para crear bibliotecas o bancos de clonas, conteniendo las secuencias ADNr 16S de diversos microorganismos de forma separada. Esto permite el análisis individual de cada una de las secuencias clonadas utilizando diversos métodos, tales como secuenciación, restricción de los 16S ribosomales con nucleasas (ARDRA), etc. (Escalante-Lozada et al., 2004).

De esta manera, miles de secuencias de ADNr 16S de diversos microorganismos, cultivables y no cultivables, son reportadas a las bases de datos como el GenBank del National Center for Biotechnology Information (NCBI), y el Ribosomal Database Project (RDP), cuya información crece continuamente. Asimismo, se ha informado el descubrimiento de nuevos grupos taxonómicos a través de los ADNr 16S usando la amplificación de secuencias de organismos no cultivables obtenidas de ADN ambiental (Hugenholtz y Pace, 1996; Huber et al., 2002). Actualmente, un gran porcentaje de los genes 16S eubacterianos que se han reportado, corresponden a bacterias que no se han podido cultivar en laboratorio. La situación es más drástica en el caso de arqueobacterias, debido a que se las puede encontrar en ambientes extremos, con altas temperaturas, bajos pHs, metales pesados, concentraciones salinas, etc. Incluso, la división Korarqueota (o Korarchaeota) contiene únicamente secuencias ribosomales sin alguna especie cultivable hasta el momento (Birtrim et al., 1997; Garrett y Klenk, 2007). Sin embargo, cabe destacar que existe un gran

esfuerzo internacional por secuenciar genomas completos de organismos no cultivables. Esto aportará un mayor conocimiento de su fisiología y probablemente se podrán establecer condiciones en laboratorio para su cultivo.

### Estrategias y métodos para la construcción de bibliotecas metagenómicas

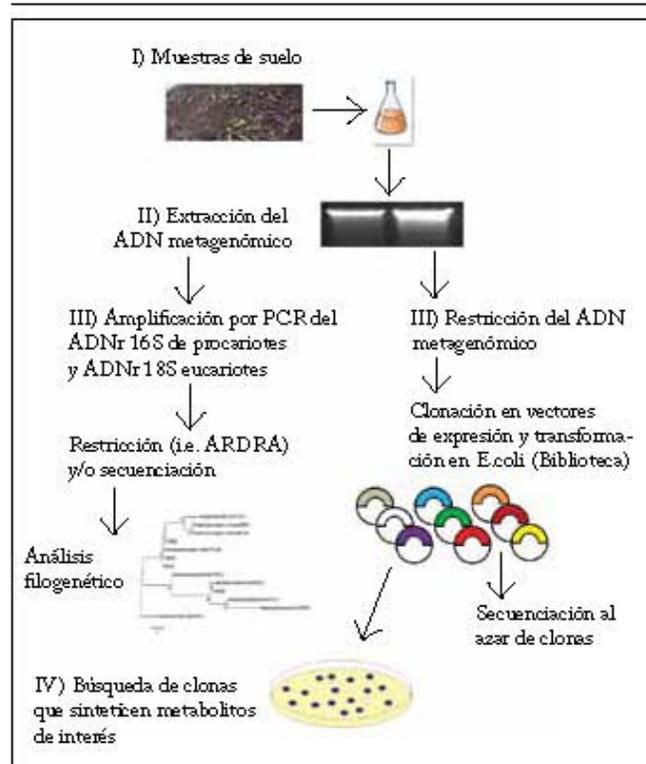
La metagenómica estudia el total del ADN que podemos encontrar en un nicho específico. Para acceder a este metagenoma se han desarrollado diferentes metodologías y vías para su análisis. En la Figura 1 se muestra un ejemplo de un estudio metagenómico con una estrategia general y siguiendo los pasos básicos en la investigación: (I) Se colecta la muestra de interés; (II) se aísla el ADN metagenómico (en estudios de metagenómica funcional se puede aislar ARN); (III) el metagenoma puede tomar tres vías: a) aislamiento por PCR de los 16S para conocer la diversidad bacteriana (o de otras divisiones como arqueas o eucariotes) del metagenoma, b) digestión y clonación en vectores de expresión, y/o c) secuenciación directa de la muestra. En el paso final, (IV) se analizan las clonas en busca de actividades de interés. Estos son los pasos esenciales para la construcción de bibliotecas metagenómicas, lo cual puede resultar rutinario en algunos laboratorios; sin embargo, el aislamiento de ADN metagenómico de algunos suelos, con una pureza suficiente como para ser usado como templado en reacciones de PCR, digestión y clonación, puede ser complicado. Algunos suelos pueden contener una gran cantidad de ácidos húmicos o metales pesados, los cuales pueden inhibir la actividad de ADN polimerasas o nucleasas (Tsai et al., 1992). Debido a esto, se recomienda emplear diversos protocolos o kits comerciales específicos para cada tipo de suelo que mejoren la pureza del ADN metagenómico, así como el uso de ADN polimerasas modificadas que pueden polimerizar reacciones en presencia de compuestos inhibidores (Kermekchiev et al., 2009).

### Metagenómica de diversos ambientes

El conocimiento del metagenoma de un ambiente en particular puede permitirnos conocer diversos aspectos de la vida microbiana que allí se está generando, genes que se expresan bajo esas condiciones ambientales, o quizás, las diferentes interacciones ecológicas de ese nicho particular. Persiguiendo estos objetivos se ha investigado el metagenoma de ambientes muy diversos. Por ejemplo, Venter y colaboradores (2004) secuenciaron más de un billón de pares de bases de ADN del mar Sargasso. Los autores reportan el descubrimiento de alrededor de 1800 especies genómicas; 1,2 millones de nuevos genes y más de 700 genes nuevos tipo rodopsina (Venter et al., 2004). Martín-Cuadrado y colegas (2007) también publicaron otro trabajo sobre metagenómica de ambientes marinos. Ellos aislaron el metagenoma y construyeron una biblioteca del mar Mediterráneo a 3.000 m de profundidad. Asimismo, analizaron la diversidad bacteriana

Fig. 1. Protocolo general de análisis del metagenoma de una muestra de suelo. En un primer paso se aísla el suelo que se desea estudiar (I) y se extrae el ADN metagenómico (II). Posteriormente se puede analizar la diversidad microbiana a través de la amplificación de los genes ribosomales 16S y/o llevar a cabo la restricción del ADN, así como su clonación en vectores (III). Finalmente se realiza la búsqueda de funciones o actividades enzimáticas (IV).

Fig. 1. Diagram showing the metagenomics analysis of a soil sample. (I) Soil isolation for study. (II) Extraction of metagenomics DNA. (III) Analysis of the microbial density through amplification of ribosomal genes 16S and/or DNA restriction, or its cloning in vectors. (IV) Search for enzymatic functions or activities.



por medio de la secuenciación de los 16S, encontrando que el grupo más abundante fue el de rizobiales, dentro de las alfaproteobacterias, seguido de bacterias gram-positivas, actinobacterias y firmicutes. Del grupo de las arqueas, el genoma de *Cenarchaeum symbiosum* fue el que presentó mayor proporción. Algunos otros planctomycetes fueron también reportados, tales como *Blastopirellula marina* y *Rhodopirellula báltica*, los cuales son organismos comunes de océanos oligotróficos. En el análisis de la biblioteca metagenómica reportaron la presencia de altos porcentajes de genes que codifican para deshidrogenasas, tales como algunos genes *cox*. Esto sugiere que la oxidación del monóxido de carbono podría ser una fuente importante de energía en aguas marinas profundas (Martín-Cuadrado et al., 2007).

Por medio de la metagenómica también es posible la reconstrucción de genomas completos a partir de organismos no cultivables o desconocidos. Tal es el caso del estudio realizado

en la Mina Richmond de California, donde se encontró una limitada diversidad microbiana, principalmente por los géneros bacterianos *Leptospirillum*, *Sulfobacillus* y *Acidimicrobium*, además de una especie bacteriana, *Ferroplasma acidarmanus*. Cabe destacar que el pH de la mina era de 0 a 1, contenía altos niveles de Fe, Zn, Cu y As, el agua tenía poco oxígeno, y su temperatura era de 42 °C. Adicionalmente las únicas fuentes de carbono y nitrógeno sólo fueron en forma de gases. Estas condiciones ambientales son extremas para cualquier tipo de vida microbiana. Sin embargo, son perfectas e interesantes para estudios metagenómicos, debido a que la limitada diversidad bacteriana permitió la reconstrucción casi total de los genomas de *Leptospirillum* grupo II y *Ferroplasma* tipo II. En consecuencia, se reportaron diversos genes que codificaban para resistencia a metales pesados, bombas de expulsión de protones, etc. Esta información muestra la adaptación que han tenido estos organismos a ambientes extremos, siendo la metagenómica muy importante para acceder al conocimiento de estos genomas no cultivables en laboratorio (Tyson et al., 2004).

Existen otros estudios metagenómicos: (1) la secuenciación completa de una bacteria del género *Buchnera*, un endosimbionte de áfidos (Pérez-Brocal et al., 2006), (2) metagenómica del intestino (Gill et al., 2006) y dentadura de humanos (Rudney et al., 2010), etc. Mediante la metagenómica se pudo reconstruir en gran parte el genoma del mamut, una especie extinta (Poinar et al., 2006). Esto nos muestra el potencial que tienen los estudios metagenómicos, y que pronto veremos más publicaciones que generarán un mayor conocimiento de los más diversos ambientes, incluyendo aquellos relacionados con el suelo.

### Metagenómica de suelos

El suelo es probablemente uno de los ambientes más complejos por su diversidad y complejidad microbiológica (Daniel, 2005; Mocallí y Benedetti, 2010). Entender la ecología de los microorganismos es otro desafío para la biología, debido a la gran cantidad de interacciones con factores bióticos y abióticos. Es también una excelente oportunidad para lograr un mayor entendimiento de los aspectos evolutivos y biológicos de los microorganismos, así como de sus aspectos ecológicos. Desde el punto de vista de la biotecnología, este ambiente es visto como una gran reserva de enzimas, antibióticos y otros productos naturales por descubrir (Handelsman 2004; Riese-Field et al., 2004a; Mori et al., 2008). De hecho, una gran parte de drogas contra el cáncer han sido descubiertas a partir de microorganismos del suelo (Pettit, 2004): por ejemplo, la bleomicina y actinomicina D, que fueron aisladas de *Streptomyces verticillius* y *Actinomyces* spp., respectivamente.

Con las herramientas que provee la metagenómica se pretende acelerar el descubrimiento de nuevos compuestos con diversas actividades. En la Tabla 1 se muestran algunos trabajos relevantes de la metagenómica de suelos. Uno de los primeros trabajos sobre metagenómica de suelos fue

realizado por Henne y colaboradores (1999). Estos autores construyeron una biblioteca basada en plásmidos con más de 900.000 clonas, buscando aquellas que crecieran en 4-hydroxybutirato como única fuente de energía y carbono. Así, encontraron cinco clonas positivas y con fenotipo estable para utilizar 4-hydroxybutirato. Análisis de la secuencia de los plásmidos aislados resultaron en genes que codificaron para 4-hydroxybutirato deshidrogenasas. Sorprendentemente, algunas secuencias no mostraron similitud con aquellas depositadas en el NCBI (National Center for Biotechnology Information). Esto demuestra que pueden encontrarse nuevas secuencias con funciones conocidas en bibliotecas metagenómicas.

**Tabla 1.** Trabajos relevantes sobre actividades biológicas encontradas en bibliotecas metagenómicas de suelos.

**Table 1.** Major research works on biological activities found in metagenomics soil libraries.

Descripción del suelo	Tipo de vector/Huésped	Actividad biológica encontrada	Referencia
Suelo de Madison, Wisconsin	pBeloBAC11/ <i>E. coli</i>	Lipasa, Amilasa, ADNasa, Hemolítica	Rondon et al., 2000
Suelo de Madison, Wisconsin	pBeloBAC11/ <i>E. coli</i>	Antibacteriana de amplio espectro	Gillespie et al., 2002
Suelo de bosque	<i>E. coli</i>	Celulasa	Wang et al., 2009
Suelo	pJWC1/ <i>R. metallidurans</i>	Antibacteriana	Craig et al., 2009
Suelo	<i>Streptomyces lividans</i>	Nuevos metabolitos	Wang et al., 2000
Suelo	Cósmido/ <i>E. coli</i>	Antimicrobiana	Brady et al., 2000
Suelo	pEpiFOS-5/ <i>E. coli</i>	Lipolítica	Lee et al., 2004

Una desventaja de utilizar plásmidos que puedan contener únicamente secuencias pequeñas de ADN (2-10 Kb) muestra la limitante de no poder clonar operones o rutas biosintéticas completas. Para ello, se utilizan vectores tipo BAC (Bacterial Artificial Chromosomes), los cuales pueden llevar clonado hasta 750 kb. Sin embargo, generalmente se trabaja en el orden de 100 a 300 kb (Handelsman, 2004). Los fasmidos (o Fosmid, por sus siglas en inglés), que pueden llevar entre 30 y 40 kb, son otro tipo de vectores con mayor capacidad para llevar ADN de mayor tamaño que los plásmidos. El primer reporte de bibliotecas metagenómicas del suelo, la cual contenía grandes fragmentos de ADN, fue realizado por Rondon y colaboradores (2000). Las bibliotecas están basadas en el vector pBeloBAC11 (Kim et al., 1996), una con más 3.500 clonas y la otra con 24.000 clonas; el tamaño promedio de los insertos fue de 27 kb, aunque algunos fueron de más de 80 kb. Entre las clonas se encontraron actividades de lipasa, amilasa y nucleasa. De las bibliotecas encontraron genes 16S

## Conclusiones: desafíos y oportunidades

El suelo es uno de los ambientes donde se presentan muchos desafíos, que lo hacen al mismo tiempo interesante para ser estudiado. Un solo gramo de suelo puede contener miles de especies de organismos procariontes, la mayoría de los cuales reside en la superficie terrestre. De hecho, la mayoría de la biomasa que reside en nuestro planeta es microbiana (Daniel, 2005). Sin embargo, existen aún diversos desafíos que vencer (en la metagenómica y otras áreas relacionadas) para poder acceder a toda esa diversidad microbiana, conocer sus genomas, sus relaciones filogenéticas o sus capacidades metabólicas. En una revisión reciente, Chistoserdova (2010) analizó las diferentes técnicas y novedosas ramas de la metagenómica, como la metatranscriptómica y metaproteómica. Éstas se consideran, junto con las nuevas técnicas de secuenciación, la siguiente generación de tecnologías que acelerarán el descubrimiento de nuevos compuestos. A continuación proponemos algunos desafíos que aún deben superarse: (1) se necesita mejorar los métodos de análisis ("screening") de nuevas o mejores funciones enzimáticas o síntesis de metabolitos, antibióticos. Esto ayudará a analizar miles de clones en poco tiempo, ahorrando costos y esfuerzo; (2) se requiere desarrollar nuevos vectores de expresión con alta capacidad para clonar fragmentos grandes de ADN (>50 kb), y que además, sean replicables en bacterias gram-positivas (ej. *Bacillus* sp) y gram-negativas (ej. *Escherichia coli*). Esto ayudará a la expresión de genes en huéspedes diferentes, ampliando la posibilidad de selección de las funciones de interés; (3) los métodos de secuenciación han mejorado bastante y son cada vez más eficientes; sin embargo, los costos son aún muy altos (en especial los de pirosecuenciación) para la mayoría de los laboratorios en países en desarrollo; (4) se requiere construir bibliotecas empleando huéspedes distintos a *E. coli*, que no sólo sean huéspedes procariontes sino que incluyan otros grupos como arqueas o eucariontes (*Saccharomyces cerevisiae*, por ejemplo); (5) se requiere de estudiantes e investigadores en el área de la metagenómica, en especial en países de Latinoamérica, ya que esto permitiría la colaboración multidisciplinaria entre colegas para competir con proyectos internacionales.

Podemos concluir diciendo que la metagenómica es una ciencia relativamente nueva, que está ayudando a entender cómo los microorganismos, cultivables o desconocidos, se adaptan e interactúan con factores bióticos y abióticos en el suelo. A la vez, la metagenómica promete revelar nuevas moléculas, las cuales pueden mejorar diversas aplicaciones biotecnológicas.

## AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a los revisores por las sugerencias que en gran parte han mejorado el artículo. También a la CIC-UMSNH (Proyectos 2009-2010) por financiar los proyectos en el laboratorio. I.V.-S. y R.H.-L. son becarias de maestría del Conacyt-México.

## REFERENCIAS

- Alexander, M. (1977). Introduction to soil microbiology. John Wiley & Sons, New York. p. 472.
- Baker, G.C., J.J. Smith y D.A. Cowan (2003). Review and re-analysis of domain-specific 16S primers. *Journal of Microbiological Methods* 55: 541-555.
- Birtrim, S.B., T.J. Donohue, J. Handelsman, G.P. Roberts y R.M. Goodman (1997). Molecular phylogeny of archaea from soil. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 94: 277-282.
- Chistoserdova, L. (2010). Recent progress and new challenges in metagenomics for biotechnology. *Biotechnol Letters* En prensa.
- Courtois, S., C.M. Cappellano, M. Ball, F.X. Francou, P. Normand, G. Helyneck, A. Martinez, S. J. Kolvek, J. Hopke, M.S. Osburne, P.R. August, R. Nalin, M. Guérineau, P. Jeannin, P. Simonet y J.L. Pernodet (2003). Recombinant environmental libraries provide access to microbial diversity for drug discovery from natural products. *Applied and Environmental Microbiology* 69: 49-55.
- Craig, J.W., F.Y. Chang y S.F. Brady (2009). Natural products from environmental DNA hosted in *Ralstonia metallidurans*. *ACS Chemical Biology* 4: 23-28.
- Curtis, T.P., W.T. Sloan y J.W. Scannell (2002). Estimating prokaryotic diversity and its limits. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 99: 10494-10499.
- Daniel, R. (2005). The metagenomics of soil. *Nature Review Microbiology* 3: 470-478.
- Escalante-Lozada, A., G. Gosset-Lagarda, A. Martínez-Jiménez y F. Bolívar-Zapata (2004). Diversidad bacteriana del suelo: métodos de estudio no dependientes del cultivo microbiano e implicaciones biotecnológicas. *Agrociencia* 38: 583-592.
- Garrett, R.A. y H.P. Klenk (2007). Archaea: evolution, physiology and molecular biology. Blackwell Publishing. p. 388.
- Gill, S.R., M. Pop, R.T. DeBoy, P.B. Eckburg, P.J. Turnbaugh, B.S. Samuel, J.I. Gordon, D.A. Relman, C.M. Fraser-Liggett y K.E. Nelson (2006). Metagenomic analysis of the human distal gut microbiome. *Science* 312: 1355-1359.
- Ginolhac, A., C. Jarrin, B. Gillet, P. Robe, P. Pujic, K. Tiphile, H. Bertrand, T.M. Vogel, G. Perrière, P. Simonet y R. Nalin (2004). Phylogenetic analysis of polyketide synthase domains from soil metagenomic libraries allows selection of promising clones. *Applied and Environmental Microbiology* 70: 5522-5527.
- Handelsman, J. (2004). Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 68: 669-685.
- Henne, A., R. Daniel, R.A. Schmitz y G. Gottschalk (1999). Construction of environmental DNA libraries in *Escherichia coli* and screening for the presence of genes conferring utilization of 4-hydroxybutyrate. *Applied and Environmental Microbiology* 65: 3901-3907.
- Huber, J.A., D.A. Butterfield y J.A. Baross (2002). Temporal changes in archaeal diversity and chemistry in a mid-ocean ridge seafloor habitat. *Applied and Environmental Microbiology* 68: 1585-1594.
- Hugenholtz, P. y N.R. Pace (1996). Identifying microbial diversity in the natural environment: a molecular phylogenetic approach. *Trends in Biotechnology* 14: 190-197.
- Kermekchiev, M.B., L.I. Kirilova, E.E. Vail y W.M. Barnes (2009). Mutants of Taq DNA polymerase resistant to PCR inhibitors allow DNA amplification from whole blood and crude soil samples. *Nucleic Acids Research* 37:e40.



# Sistemas Dinámicos



# Bioacústica

Instructora: Dra. Griselda Escalona Segura

El Colegio de la Frontera Sur Unidad Campeche

[gescalon@ecosur.mx](mailto:gescalon@ecosur.mx)



La comunicación sonora es una herramienta esencial en la vida de animales ya que les permite evitar depredadores, buscar pareja y alimento, delimitar territorios, establecer lazos sociales, entre otros.

Dada la gran diversidad biológica de nuestro país, el potencial de investigación en la bioacústica es ilimitado. En este aspecto, la utilización de los sonidos es crucial, para ayudar a determinar las unidades de biodiversidad que se desean conservar, evaluar hábitats críticos; en el área de la sistemática, con los sonidos no-aprendidos, se identifican nuevas especies, o se conocen las diferencias geográficas a nivel de especie o poblacionales. Entre algunas temáticas que se están trabajando en bioacústica se encuentran las estrategias de desarrollo vocal, cómo el aprendizaje vocal ha evolucionado, duetos, patrones de cantos, patrones de especiación, selección sexual y la evolución de “despliegues” vocales, el papel de las vocalizaciones en sociedades de animales complejas, los patrones de variación geográfica, trabajos comparativos entre trópicos y áreas templadas, grupos únicos y papel de interacciones interespecíficas en la evolución de señales.

La variabilidad acústica también se presenta en los seres humanos ¿Cómo es esta variabilidad? ¿Todos los seres humanos tienen la misma frecuencia de voz? En este taller aprenderás sobre las características de tu voz y cómo esta variabilidad se aplica el estudio del sonido en los seres vivos.



# Flores, frutos y evolución

Instructora: M en C. Mirna Canul Montañes

El Colegio de la Frontera Sur Unidad Campeche

[mcanul@ecosur.mx](mailto:mcanul@ecosur.mx)



Si te has preguntado ¿Todas las flores producen polen?, ¿Que es el polen?, ¿Cómo se produce?, ¿Cuál es su función? ¿Cómo se dispersa?, ¿Cómo se originan los frutos? Estás en el taller indicado!

Aquí aprenderás en forma muy sencilla sobre los mecanismos de polinización, y aprenderás a conocer e identificar todos los actores que participan en este proceso que genera y ha generado la vida vegetal a través del tiempo.

Realizarás una práctica de identificación de la morfología floral, aprenderás a determinar los granos de polen, y conocerás sobre los agentes de dispersión con sólo ver la forma de la flor y finalmente relacionarás esta morfología a través del tiempo.



# Transgénicos

Instructoras:

M en C. Rosa Inés González Torres

Dra. Laura Tovar

El Colegio de la Frontera Sur Unidad Campeche

[mcanul@ecosur.mx](mailto:mcanul@ecosur.mx)



# Mamíferos

Instructor: Dr. Rafael Reyna Hurtado

El Colegio de la Frontera Sur Unidad Campeche

[rreyna@ecosur.mx](mailto:rreyna@ecosur.mx)



# Notas









