



El maíz surgió hace unos 9000 años, a partir de una planta silvestre conocida como teosinte, que produce unos granos pequeños y duros. A través de un larguísimo proceso de domesticación, el maíz ancestral dio origen a las aproximadamente 300 variedades que se cultivan hoy en día alrededor de todo el mundo.

ciones de la paleogenómica para entender el origen del maíz a partir de la domesticación del teocintle, o teosinte, planta silvestre que produce pequeñas mazorcas de granos muy duros. Valdrá la pena preguntarse: ¿cuáles fueron las modificaciones que condujeron a las grandes mazorcas repletas de granos blandos y apetitosos?, ¿cuánto tiempo tuvo que pasar para que estas características seleccionadas artificialmente se fijaran en el genoma?, ¿por qué hoy en día existen en México 64 variedades de maíz?

Les recomendamos consultar la siguiente página de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiver-



En 2010, Svante Pääbo y sus colaboradores lograron purificar el ADN de los fragmentos de hueso y un molar descubiertos en la cueva Denisova, y obtener la secuencia completa del ADN mitocondrial. Su análisis mostró que se trataba de una nueva familia: el homínido de Denisova, que se separó de nuestro linaje hace unos 800 000 años.

sidad (CONABIO): www.biodiversidad.gob.mx/usos/maices/razas2012.html/.

Debate: ¿Rechazar el maíz transgénico?

El maíz es la planta alimenticia con mayor producción a nivel mundial. La comunidad científica se debate entre dos posturas antagónicas: los que defienden la introducción de cultivos de maíz transgénicos y los que se oponen. Ésta es una discusión que no debería pasarse por alto, especialmente en México. El maíz transgénico tiene implicaciones económicas, sociales y culturales de trascendencia en el contexto nacional. Será muy interesante organizar un debate en el que se esgriman los argumentos a favor y en contra.

Visita al CCG-UNAM

Algo que sin duda emocionará a nuestros alumnos será coordinar una visita al Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM (CCG-UNAM), localizado en Av. Universidad s/n, Col. Chamilpa 62210, Cuernavaca, Morelos, tel.(777) 3177480, para que puedan conocer de primera mano las investigaciones que allí se hacen y platicar con algunos investigadores.

VI. Bibliografía y mesografía

Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM, <www.ccg.unam.mx>
Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO): <www.biodiversidad.gob.mx/usos/maices/razas2012.html >
Unión de Científicos Comprometidos con la Sociedad, “Los cultivos transgénicos y la duda científica”: <www.uccs.mx/doc/g/transgenicos-y-la-duda-cientifica_es >
Vielle-Calzada, J. Ph. et al. “Paleogenómica en la cueva de San Marcos y su contribución al entendimiento del origen del maíz”, *Arqueología*, Núm. 49, pp. 7-20, México, septiembre-diciembre 2014.

Los profesores pueden copiar esta guía para su uso en clase. Para cualquier otro uso es necesaria la autorización por escrito del editor de la revista.



Por Clara Puchet Anyul y Sirio Bolaños

Guía del
Smaestro

Guía didáctica para abordar en el salón de clases el tema de este artículo

Paleogenómica

El arte de descifrar el ADN antiguo

Julio 2017, No. 224, p. 24

De: Miguel Ángel Cevallos



MAESTROS:

Esta guía se ha diseñado para que un artículo de cada número de *¿Cómo ves?* pueda trabajarse en clase con los alumnos, como un complemento a los programas de ciencias naturales y sociales, y a los objetivos generales de estas disciplinas a nivel bachillerato. Esperamos que la información y las actividades propuestas sean un atractivo punto de partida o un novedoso “broche de oro” para dar un ingrediente de motivación adicional a sus cursos.

I. Relación con los temarios del Bachillerato UNAM

El artículo de referencia trata de la paleogenómica, ciencia que se encarga de estudiar el ADN de organismos que vivieron en el pasado remoto: un área llena de retos e incógnitas cuyas respuestas se descubren cada día en los laboratorios de ciencias genómi-

cas del mundo, y en el de la UNAM también. La secuenciación masiva de ADN es una técnica que ha permitido conocer genomas completos y que posee una gran potencia, por lo que será de interés para nuestros alumnos en los cursos de Biología III y IV, de los últimos semestres del bachillerato.

II. Viajar en el tiempo

Algunas historias de ciencia ficción se caracterizan porque suceden en el futuro y se viaja en el tiempo varios siglos hacia adelante, algo que la mayoría de las personas consideran improbable, pero fascinante. En el ámbito de la ciencia, la biología evolutiva, y particularmente la paleogenómica, se han especializado en la búsqueda de nuestros ancestros, sean estos bacterias primitivas u homínidos, con el interés de conocer de dónde venimos.

Uno de los problemas que presentan estos viajes al pasado es que el ADN se

degrada con el tiempo, y más si las condiciones de temperatura y humedad no son las adecuadas. Las temperaturas altas y la humedad abundante favorecen la degradación del ADN, de modo que son los ambientes fríos y secos los que contribuyen a la conservación de los restos genéticos del pasado.

III. Materiales para viajar al pasado

Las muestras para realizar estudios paleogenómicos provienen de dientes, huesos y tejidos momificados. El material genético antiguo suele estar muy dañado, por lo que es muy difícil extraerlo, purificarlo y reconstruirlo.

Los marcadores genéticos más utilizados son los llamados marcadores uniparentales: el ADN mitocondrial, que se hereda solamente de la madre, o el cromosoma Y, que se hereda únicamente del padre. Cuantas más diferencias existan entre dos linajes mitocondriales, más tiempo hará que han divergido y estarán por lo tanto menos emparentados filogenéticamente.

Desde hace unos 20 años, en la secuenciación genética se usa ADN mitocondrial porque es mucho más abundante que el ADN nuclear: una célula posee cientos de mitocondrias, pero un solo núcleo. La técnica empleada, conocida como PCR, o reacción en cadena de la polimerasa, supone la selección *a priori* de una región específica del genoma del organismo que se secuencia. Sin embargo, desde 2005 se utilizan nuevas técnicas de ultra secuenciación, llamadas de



Cráneo de *Equus lambei*, caballo extinto del Pleistoceno tardío, Yukón, Canadá.

segunda o tercera generación, que secuencian simultáneamente (en paralelo) cientos de miles de cadenas de ADN.

Para una explicación detallada de cómo funciona un secuenciador de ADN les recomendamos ver el video de la Universidad del País Vasco, que se encuentra en la liga: <https://vimeo.com/167393694>

IV. ¿Qué se hace en el Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM?

De acuerdo con la información publicada en la página del Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM (CCG-UNAM), existen varios grupos de estudio con diferentes líneas de investigación:

Programa de Genómica Evolutiva. Estudia los mecanismos de evolución de las bacterias (especialmente las que pueden establecer interacciones simbióticas y patogénicas con otros organismos) desde los puntos de vista de la biología molecular, de la biología de sistemas y de la genómica.

Programa de Genómica Computacional. Pionero en el área de la bioinformática en México. Durante años ha trabajado en la recopilación, integración y representación de la regulación genética.

Programa de Ecología Genómica. Se concentra en el estudio de poblaciones bacterianas, su diversidad y taxonomía, así como en la base molecular de las funciones bacterianas que participan en las interacciones de las bacterias con animales, humanos y plantas (bacterias fijadoras de nitrógeno en los nódulos de las leguminosas). Además se desarrollan aplicaciones para el mejoramiento del ambiente, la agricultura y la medicina.

Programa de Genómica Funcional de Eucariontes. Estudia las plantas, analizando algunas interacciones entre éstas y los microorganismos.

Dos líneas de investigación del programa estudian la simbiosis de plantas de la familia

de las leguminosas que han desarrollado la capacidad de crecer en suelos privados de nitrógeno mediante la interacción con bacterias del suelo conocidas como *rhizobia*. Los dos organismos han co-evolucionado hacia una interacción muy compleja y positiva para ambos, en la que se lleva a cabo la fijación simbiótica de nitrógeno para capturar el nitrógeno atmosférico directamente y así mantener el crecimiento vegetal.

Otra línea estudia la genómica funcional del frijol (*Phaseolus vulgaris*) para el análisis de la simbiosis con *Rhizobium etli* y las respuestas de la planta al estrés abiótico.

Programa de Ingeniería Genética. Está dedicado a la comprensión de la arquitectura genómica de proteobacterias asociadas a plantas (específicamente *Rhizobium* sp.), tanto en el corto plazo como con una perspectiva evolutiva. El objetivo a largo plazo es utilizar este conocimiento para desarrollar nuevas estrategias en ingeniería genómica. Su trabajo combina el análisis bioinformático con enfoques genéticos y de biología molecular, así como de análisis de genética de poblaciones.

Además los profesores del centro participan en un proyecto conjunto con maestros de la Escuela Nacional Preparatoria (ENP-UNAM) para generar material educativo y enseñar ciencias genómicas y bioinformática a los alumnos de preparatoria.

V. En el aula

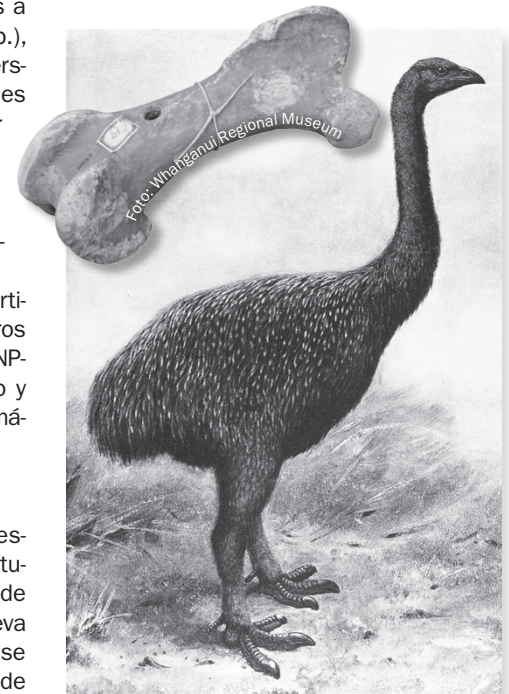
La lectura del artículo de referencia despertará muchas interrogantes e inquietudes. Es importante atenderlas y tratar de dilucidar juntos los alcances de esta nueva área de la genómica. ¿Qué información se puede obtener de pequeñas muestras de restos arqueológicos? ¿Es posible identificar los genes que están directamente involucrados en la domesticación de plantas?

El origen del maíz

El maíz es la planta emblemática de la cultura mexicana. Les sugerimos que los alumnos investiguen acerca de las contribu-



La paleogenómica nació en 1984 cuando el equipo de Allan C. Wilson aisló ADN de una muestra de museo de un *quagga*, un pariente extinto de las cebras. (Aquí se aprecia el único ejemplar que se fotografió vivo en el zoológico de Londres en 1870).



En los inicios de la investigación de ADN se perforaban pedazos de hueso, se molían y se extraía el ADN, pero sólo podía recuperarse un pequeño porcentaje del genoma y éste estaba muy contaminado. Gracias a nuevas estrategias y mejores reactivos para amplificar el ADN, Allan Cooper y sus colaboradores obtuvieron la secuencia completa del ADN mitocondrial de las *moas*.