

¿Qué tan difícil puede ser identificar a los mamíferos?



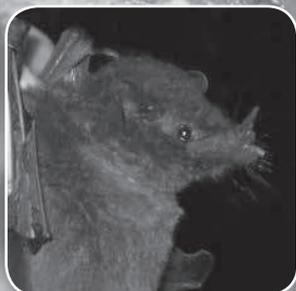
JORGE BOLAÑOS

Rhogeessa parvula



JORGE BOLAÑOS

Rhogeessa aeneus



CRISTIAN FERRER

Glossophaga leachii



ELIDA LEIVA

Glossophaga soricina



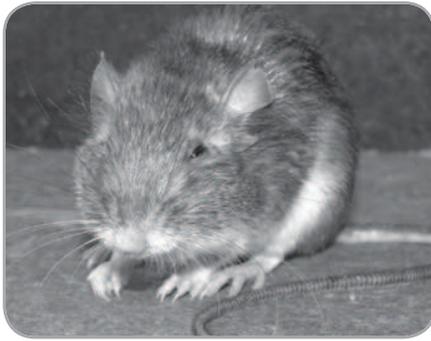
Glossophaga morenoi

La biodiversidad de México es muy grande y conocemos apenas una mínima parte, por eso hay personas ligadas a las disciplinas ambientales que buscan enriquecer los inventarios de la biodiversidad. Los inventarios brindan información valiosa para el conocimiento, la conservación y el manejo sustentable de los recursos naturales.

Definir la gran cantidad de seres vivos que existen, cómo interactúan entre sí y los bienes que proveen (alimento, oxígeno, energía) es una destacada contribución al conocimiento de la biodiversidad, y existen varios métodos para lograrlo. Una metodología genética es el código de barras de ADN; con ella se han descubierto nuevas especies, se han "separado" especies crípticas (aparentemente iguales, pero distintas genéticamente) y se han propuesto cambios en la clasificación de los organismos (taxonomía). Su aplicación ha sido de gran utilidad en un país megadiverso como México, en particular para el grupo de los mamíferos terrestres, conformado hasta el momento por casi 500 especies.

En general, es fácil reconocer a qué especies pertenecen la gran mayoría de los mamíferos. No obstante, identificar a algunos de ellos es todo un reto por las similitudes que presentan tanto en apariencia externa (forma, pelaje y coloración) como en características craneales (dientes, posición, longitud y forma de algunas estructuras). Entonces, dado que diferenciar algunas especies por su morfología es prácticamente imposible, los códigos

JORGE BOLAÑOS



JORGE BOLAÑOS

Heteromys desmarestianus



JORGE BOLAÑOS

Heteromys goldmani

de barras de ADN resultan una útil opción complementaria.

Los códigos de barras son secuencias cortas y estandarizadas de ADN tomado del tejido de un organismo; la obtención de muestras debe hacerse con extremo cuidado para evitar su contaminación. Las secuencias se comparan con una base de datos pública y mundial que permite que incluso personas no especialistas tengan acceso a la información y participen en la determinación de especies. También es posible acceder a datos de ejemplares depositados en colecciones científicas e identificados por expertas y expertos taxónomos; recordemos que las colecciones contienen ejemplares de organismos sistematizados, de modo que es factible obtener información sobre ellos y sus ambientes.

Roedores y murciélagos en campo y colecciones

Identificar correctamente a una especie y darle un nombre común o científico (nombre universal) es de gran importancia, ya que permite que se realicen estudios espe-

cíficos respecto a ella. Cada una tiene su propia historia evolutiva y distribución, así como adaptaciones morfológicas, interacciones con su ambiente y características biológicas que la hacen única en el planeta. Conocer y nombrar las especies nos permite inferir cómo han cambiado a lo largo del tiempo, si han dado lugar a individuos con rasgos comunes, pero que difieren de otros miembros de la especie (subespecies), cómo responden a factores externos (temperatura, precipitación y otros) y a cambios producidos por el ser humano (ganadería, agricultura, cacería), de qué manera se relacionan con otras especies, cuál es su importancia económica, cómo podemos aprovecharlas adecuadamente y conservarlas si están en riesgo de desaparecer.

Como ejemplo de la utilidad de los códigos de barras se pueden mencionar diversos estudios realizados por el grupo dedicado a mamíferos en El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR) en San Cristóbal de Las Casas, Chiapas; por ejemplo, la investigación sobre roedores tropicales del género *Heteromys* de la subfamilia Heteromyinae, cuya taxonomía es controversial por la amplia distribución y variación morfológica de ciertas especies, además del desconocimiento de la biología de roedores semejantes. Cabe mencionar que hubo avances importantes en la taxonomía de estos animales, como la elevación a especie de organismos que se consideraban una subespecie: *Heteromys desmarestianus goldmani* a *H. goldmani*, o la determinación de que los *Heteromys gaureri* de Yucatán y Campeche difieren genéticamente de los de Quintana Roo, lo cual no era claro antes del estudio con códigos de barras.

Otra investigación importante es la que se aplicó al ratón endémico *Peromyscus zarhynchus* (exclusivo de Chiapas); su código de barras se comparó con los códigos de ejemplares del oeste de Guatemala, parecidos morfológicamente. Se logró describir una nueva especie en aquel país: *Peromyscus gardneri*, y dividir a *P. zarhynchus* en dos subespecies: *P. zarhynchus zarhynchus* y *P. zarhynchus cristobalensis* en Chiapas.

Adicionalmente, los códigos de barras han sido muy útiles para cumplir con algunos objetivos de la Colección Mastozoológica de ECOSUR, como el reconocimiento de la biodiversidad de mamíferos en el sureste de México. A través de los códigos de barras se han clasificado correctamente varios murciélagos y roedores difíciles de identificar por sus características visibles (principalmente en el campo) y también aquellos cuyos caracteres morfológicos internos no son posibles de analizar. Así, se han logrado diferenciar las especies de ratones *Peromyscus mexicanus* y *P. aztecus*, o bien, los del género *Reithrodontomys* sp. De ahí la importancia de que la colección cuente con una sustantiva representación geográfica y taxonómica de ejemplares.

Como muestra de las complicaciones de identificación, los murciélagos *Glossophaga* sp. se reconocen tan solo por ciertos detalles, como la anchura de los dientes incisivos de la mandíbula superior. Otro caso difícil se da con algunas especies del murciélago *Rhogeessa* sp., que son indistinguibles morfológicamente y esto a veces provoca identificaciones erróneas en trabajos de campo, aún más cuando hay pocos o no existen ejemplares para comparar en colecciones biológicas. Pero si se toma una muestra de ala o de otra estructura del ejemplar que contenga ADN y se revisa con la ayuda genética de los códigos de barras, se disipan dudas sobre la clasificación de las especies.

Con los estudios planteados anteriormente se demuestra que el código de barras de ADN es una herramienta importante para la taxonomía tradicional, y que promueve el valor de las colecciones científicas por su asociación con los ejemplares depositados en ellas. 

Consuelo Lorenzo Monterrubio es investigadora del Departamento de Conservación de la Biodiversidad y responsable de la Colección Mastozoológica de ECOSUR San Cristóbal (clorenzo@ecosur.mx). Jorge Bolaños Citalán (jbolanos@ecosur.mx) es técnico de la misma colección. Magaly Ruiz Jiménez es estudiante de maestría de ECOSUR San Cristóbal (mcruijz@ecosur.edu.mx).