



## La posible historia del

El llamado pulpo rojo, *Octopus maya*, es una especie que se distribuye exclusivamente en la península de Yucatán, donde su captura se ha convertido en una de las actividades primarias más importantes de las costas de los estados de Campeche y Yucatán. La pesca de *O. maya*, junto con lo que se captura del pulpo patón *O. vulgaris*, genera cerca de 15 000 empleos directos y una derrama económica anual de 360 millones de pesos en toda la región, la cual se sustenta en la exportación de más de 80% del pulpo capturado, principalmente a los mercados de Europa y Japón. Al igual que muchas especies de cefalópodos, el ciclo de vida de ambas especies de pulpo es anual, lo que obliga a mantener un equilibrio muy estrecho entre la cantidad de pulpos que se pescan y los procesos de renovación de la población.

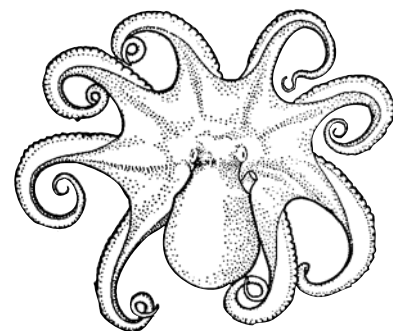
Para lograr ese equilibrio actualmente existe un periodo de veda (del 15 de diciembre al 1 de agosto), que impide la extracción de pulpos en la zona a fin de proteger a las hem-

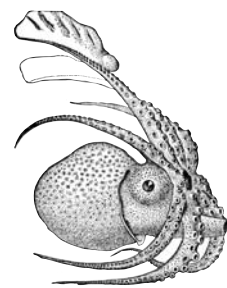
bras en los meses en que se presentan los picos de desove. A pesar de esta restricción en la pesca, en los últimos años se ha observado un aumento en la proporción de *O. vulgaris* en el total de las capturas de pulpo en Yucatán, lo que hace pensar que al reducirse la población de *O. maya*, la población del primero se ha visto favorecida. Las evidencias indican que hay varios factores actuando en conjunto que tienen como consecuencia la reducción de las poblaciones de *O. maya* en la zona, entre los que se hallan la pesca ilegal que se lleva a cabo en la época de veda o mediante el buceo, y el endemismo de esta especie, condición que podría hacerla más vulnerable a los cambios ambientales y las presiones pesqueras.

Aunque *O. maya* es bien conocido por nuestros paladares, no lo es tanto para muchas áreas de la biología. Para poder proponer estrategias de manejo y lograr la conservación de una especie con tales características es básico conocer a fondo todos sus as-

pectos biológicos, así como su origen y evolución. Al menos hasta estos días no se cuenta con un registro fósil de este grupo de organismos mediante el cual pudiera ser deducida su historia, por lo que recurrimos al ADN con el fin de establecer la filogenia entre los pulpos y así conocer algunos aspectos de su historia evolutiva. El ADN (ácido desoxirribonucleico) es una molécula que almacena y conserva una gran cantidad de información, tan antigua que nos permite entre otras cosas indagar acerca del origen de las especies así como de eventos evolutivos pasados que ocurrieron y que determinan su capacidad de adaptación actual.

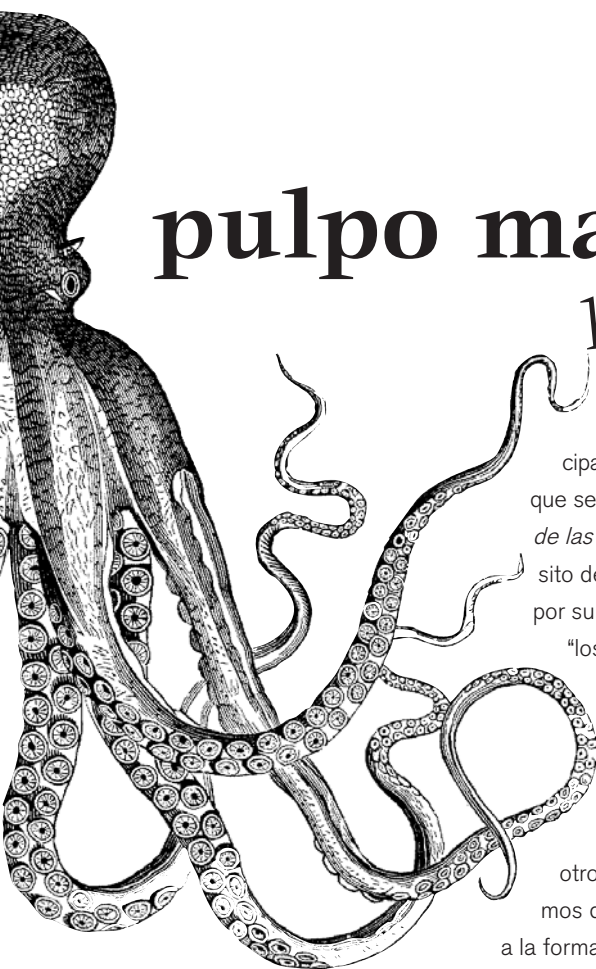
El gran desarrollo tecnológico en la biología molecular hace posible estudiar los genes, que son usados actualmente como ventanas al pasado evolutivo de los organismos.





# pulpo maya

## leída en su ADN



Una de las principales ideas de Darwin que se hallan en *El origen de las especies* (a propósito de las festividades por su aniversario) es que “los organismos descienden de un ancestro común, y gradualmente van diferenciándose, los unos de los otros”. Ahora entendemos que esto se debe a la forma en que los genes van cambiando a lo largo de la historia evolutiva de los organismos.

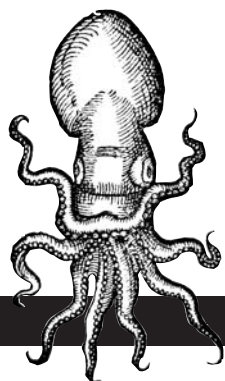
Una forma de estudiar la diferenciación de las especies es por medio de los genes homólogos que, por tener un mismo origen y conservar la misma función, son útiles en la estimación del tiempo en que las especies que los contienen comenzaron a diferenciarse del ancestro común. Este tipo de análisis parte del supuesto de que los genes homólogos evolucionaron al mismo ritmo en todas las especies que los contienen. El supuesto tiene su base en

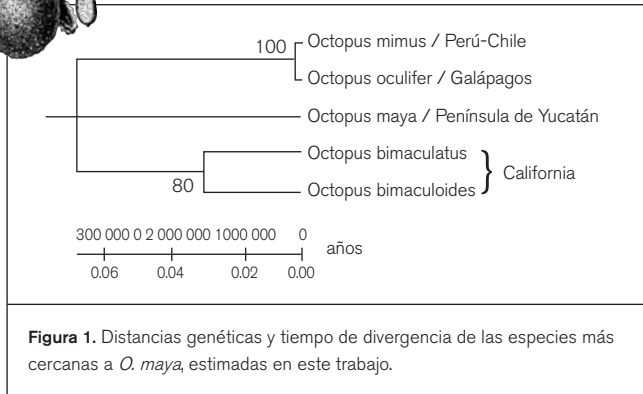
el hecho de que hay muchos genes que dan lugar a proteínas o estructuras celulares que presentan tasas de evolución similares en especies cercanas.

Ante el desconocimiento del genoma de *O. maya* fue necesario identificar las secuencias de bases aledañas a los genes homólogos propuestos (16 S rARN, citocromo oxidasa I y citocromo oxidasa III, que han sido frecuentemente utilizados en la evaluación de la historia evolutiva de otros pulpos), lo cual fue posible utilizando el genoma de otras especies de pulpos obtenidos con anterioridad por otros investigadores y que se encuentran disponibles en las bases de datos de acceso libre. Con esa información se enviaron para su síntesis secuencias sencillas al inicio y final de los genes homólogos, que fueron utilizadas como “plantillas” (*primers*) lo que permite identificar, si existe, su complemento en *O. maya*. Como las secuencias de los *primers* sintetizados existen en la especie en estudio fue posible delimitar los genes ho-

mólogos propuestos. Utilizando el método de reacción cíclica de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés) en presencia de la enzima polimerasa Taq los *primers* y el ADN de *x* se obtuvieron millones de copias de los genes homólogos. Con estas copias, y después de un proceso de electroforesis y secuenciación de la muestra, se realizó la comparación y el análisis evolutivo (con un software especializado) de las secuencias obtenidas, así como de las distintas especies de pulpos del mundo disponibles públicamente en las bases de datos.

A partir de los resultados que se han generado al comparar los genes mitocondriales propuestos de *O. maya* con los de especies del género *Octopus* de todas las cuencas oceánicas del mundo fue posible conocer cuándo y dónde el pulpo *O. maya* tuvo su origen. Desde el punto de vista evolutivo se partió de la hipótesis de que el pulpo maya está cercanamente relacionado con pulpos que también se encuentra en el continente america-





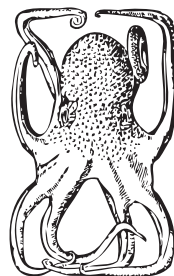
**Figura 1.** Distancias genéticas y tiempo de divergencia de las especies más cercanas a *O. maya*, estimadas en este trabajo.

no, tanto en el litoral del Pacífico como del Atlántico. Los resultados obtenidos a la fecha muestran que, como era de esperarse, *O. maya* es una especie cercana a las especies americanas, y que es parte de una radiación adaptativa de un ancestro común.


Debido a que los genes de las especies comparadas evolucionaron al mismo ritmo o velocidad fue posible estimar el tiempo en que comenzó la divergencia, que fue medida a partir de las distancias genéticas entre las especies (figura 1). De acuerdo con los resultados obtenidos es posible estimar que la radiación adaptativa de los pulpos de América comenzó hace aproximadamente 4 millones de años.

Si pudiéramos regresar 4 millones de años al pasado

observaríamos que Panamá era un “puente a medio construir”, entre América del Norte y del Sur, por lo que en ese tiempo existía una corriente que conectaba las cuencas del Pacífico y el Atlántico. Durante el levantamiento del istmo, tal corriente se dividió en tres direcciones principales: una hacia California, otra hacia el Ecuador y una tercera hacia el Atlántico, influyendo en la distribución de las poblaciones de pulpos que habitaban esta zona. Según los datos, estas tres corrientes pudieron dar



lugar a tres grupos de pulpos: los de California, *O. bimaculatus* y *O. bimaculoides*; el de *O. maya* en el Atlántico; y el de los sudamericanos, entre los que se encuentran *O. mimus* y *O. oculifer*. La separación de especies fue producto del surgimiento del istmo de Panamá, lo que permitió los procesos de especiación entre especies que hoy habitan el Pacífico, el Caribe y el Golfo de México.

El uso, manejo y conservación de recursos naturales como el pulpo es sin duda uno de los retos inmediatos a los que nos enfrentamos quienes estudiamos estas especies. La permanente explotación pesquera, el desconocimiento de los sitios de reproducción, y el no conocer cómo es el flujo genético entre poblaciones ha llevado a que en la actualidad existan formas de manejo incompletas, que lejos de ayudar al mantenimiento de las poblaciones han coadyuvado a la sobreexplotación. En este contexto, los estudios de genética de poblaciones son fundamentales para comprender las relaciones entre las poblaciones y la posible existencia de poblaciones que deban ser conservadas. 



**Oscar Eduardo Juárez Valdez, Carlos Rosas y Leticia Arena**

Facultad de Ciencias,  
Universidad Nacional Autónoma de México.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Pérez M., R. Burgos, A. Wakida y J. Santos. 2006. *Evaluación de la población de pulpo (Octopus maya) en la península de Yucatán 2006*. Secretaría de Agricultura, Ganadería y desarrollo Rural, Pesca y Alimentación/ Instituto Nacional de la Pesca, México.

Crandall, K., O. Beninda Edmonds, G. Mace y R. Wayne. 2000. “Considering evolutionary processes in conservation biology”, en *Trends in Ecology & Evolution*, núm. 15, pp. 290-295.

Avise, J. 2004. *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Sinauer Associates Inc.

Futuyma, D. 2005. *Evolution*. Sinauer Associates Inc.

Stanley, S. 2005. *Earth System History*. W. H. Freeman and Company.

IMÁGENES:

Pp. 42: K. Gesner, 1555; s.d. Pp. 43-44: s.d; P. 45: grabado s. XIX; s.d.