



Memoria del 47º Taller de Actualización Bioquímica, Facultad de Medicina; UNAM

Los códigos de barra moleculares como una herramienta para la identificación de plantas medicinales.

DNA barcodes as a tool for medicinal plants authentication.

Cristians Niizawa, Sol^{1*}.

1. Laboratorio de Etnobotánica Integrativa, Jardín Botánico, Instituto de Biología, UNAM

*Correspondencia. Jardín Botánico, Instituto de Biología, Circuito Exterior s/n, Ciudad Universitaria, Coyoacán, CDMX, CP 04510 Tel. +52 (55) 5622-8222 Ext. 47901, sol.cristians@ib.unam.mx

Resumen

Los códigos de barras moleculares son secuencias ortólogas cortas de una región estandarizada del genoma que pueden ser aisladas y caracterizadas fácilmente, las cuales funcionan a manera de etiquetas cuyo fin es la correcta identificación de las especies biológicas. Actualmente, esta herramienta práctica y poderosa se aplica a la autenticación de plantas medicinales coadyuvando al control de la calidad de las especies vegetales comercializadas internacionalmente. Los principales marcadores moleculares utilizados en la codificación genética son: *matK*, *rbcL*, *rpl32-trnL*, *trnH-psbA* e *ITS2*. Si bien su uso comienza a ser rutinario en varios países del mundo, en México aún son escasos los ejemplos de plantas medicinales mexicanas que cuentan con su código de barras molecular, por lo que es urgente redoblar esfuerzos para la generación de una biblioteca de códigos de barras de la flora medicinal mexicana e integrar este análisis a las monografías de la Farmacopea Herbolaria de los Estados Unidos Mexicanos.

Palabras clave: Código de barras molecular, plantas medicinales, control de calidad.

Abstract

A DNA barcode is a standardized orthologous short sequence of DNA that can be easily isolated and characterized, which works as a tag written as a discrete nucleotide pattern, with the ultimate goal of a reliable species-level identification. Currently, this practical and powerful tool is applied to the authentication of medicinal plants contributing to the quality control of internationally traded plant species. The main molecular markers used in DNA barcoding are: *matK*, *rbcL*, *rpl32-trnL*, *trnH-psbA* and *ITS2*. Although its use begins to be routine worldwide, in our country there are still few examples of Mexican medicinal plants that have their DNA barcodes, so it is urgent to redouble efforts to generate a DNA barcode library of the Mexican medicinal flora and incorporate this analysis to the monographs of the Mexican Herbal Pharmacopoeia.

Key words: DNA barcode, medicinal plants, quality control.

Introducción

El incremento del mercado nacional e internacional de plantas medicinales y preparados fitoterapéuticos, el cual abarca un amplio número de familias y especies botánicas relacionadas, requiere de una precisa y rápida autenticación. De manera adicional, el inicio de la cadena productiva de la industria herbolaria, requiere del abastecimiento continuo de material vegetal químicamente estandarizado [1, 2]. Los códigos de barras moleculares, son una herramienta práctica y poderosa que permite la identificación de especies biológicas, y que en el caso de ser aplicada a las plantas medicinales puede ayudar al control de calidad de las especies comercializadas internacionalmente [3].

Los códigos de barras moleculares

Los códigos de barras moleculares o códigos de barras genéticos (del inglés *DNA barcodes*) son secuencias ortólogas cortas, de 400 – 800 pb, de una región estandarizada del genoma que pueden ser aisladas y caracterizadas fácilmente, las cuales funcionan a manera de etiquetas conformadas por una secuencia discreta de los cuatro nucleótidos, ATGC, que conforman el DNA, cuyo fin es la correcta identificación de las especies biológicas [3–5]. La intención del uso de los códigos de barras moleculares radica en la idea de agilizar el reconocimiento de especies a una tasa mayor que el de la pérdida de biodiversidad; por otro lado, es también una herramienta que permite identificar distintas partes aisladas de las plantas (raíces, semillas, polen, etc.), o distintos estadios ontogenéticos (etapa sexual y asexual), así como diferentes géneros (plantas dioicas), con implicaciones que, inclusive, alcanzan la protección de derechos de propiedad intelectual y control de calidad a nivel de producción y procesamientos vegetal de los productos fitoterapéuticos, al permitir la identificación de plantas a partir de fragmentos de ellas [3, 6, 7]. El uso de los códigos de barras moleculares ha generado el desarrollo de disciplinas como la etnobotánica genómica, un ensamblaje entre el conocimiento de la biodiversidad, distintas formas de conocimiento y valorización de las especies vegetales, en un acercamiento que retoma el conocimiento tradicional y el conocimiento científico moderno para entender la diversidad biológica y cultural [8].

La investigación en códigos de barras genéticos comenzó en el ámbito de la zoología [9]. La mayoría de los investigadores interesados en desarrollar códigos de barras genéticos en animales ha sostenido que el gen mitocondrial que codifica para la subunidad

I de la citocromo c oxidasa (COI) es un *locus* favorable para realizar los códigos de barras en animales, e incluso en algunas especies fúngicas (grupos Ascomycota, Basidiomycota y Chitidrimycota). Sin embargo, los genes mitocondriales en plantas tienen un uso limitado, ya que no permiten la identificación de especies en una amplia variedad de taxones debido a las bajas tasas de variabilidad y la diversidad en la estructura del genoma mitocondrial. En sí, la estructura genómica vegetal sigue sin ser completamente comprendida, presentando bajas tasas de sustitución de nucleótidos, hibridación, poliploidía, especies definidas en conceptos de taxón estrechos, gran tamaño de poblaciones ancestrales y bajos niveles de flujo génico intraespecífico, por lo que la generación de un código de barras en plantas debe ser una aproximación *multi-loci* [3–7, 10–15].

El escenario antes descrito, generó una discusión mundial en torno a cuáles deberían ser los *loci* idóneos para la generación de los códigos de barras vegetales. En un trabajo colectivo, multinacional, coordinado por el Consorcio para el Código de Barras de la Vida (CBOL) en el que se presentó la propuesta de un consenso al respecto, se afirmó que las secuencias genómicas candidatas a ser consideradas como códigos de barras genéticos en plantas deberían contar con las siguientes características [3, 7, 14]:

- i. *Universalidad*. Debe contar con *loci* que puedan ser rutinariamente secuenciados a través de los distintos linajes de plantas terrestres.
- ii. *Calidad y cobertura*. Poseer secuencias con bi-direccionalidad con ninguna, o pocas, bases ambiguas; sitios frontera que permitan usar oligos universales; tener un tamaño de secuencia corto apropiado para la extracción y amplificación del DNA; al usar una aproximación *multi-loci* debe poder complementarse la información.
- iii. *Discriminación*. Uso de *loci* que permitan que la mayor parte de las especies vegetales sean distinguidas, mostrando un nivel significativo de variabilidad y divergencia para la región amplificada.
- iv. *Bioinformática*. Contar con algoritmos sencillos de alineación de la secuencia que permitan trabajar con numerosas muestras, presentando niveles altos de confianza en la asignación de especies.

El resultado de la búsqueda de la combinación adecuada de códigos de barras moleculares con las anteriores características, para su uso específico en plantas, arrojó a cinco candidatos principales [3, 5, 10, 11–15]:

- *rbcL* (subunidad mayor de RuBisCO - cloroplasto). Es el *locus* mejor caracterizado debido a su fácil amplificación y alineación, secuenciado para gran cantidad de especies en GenBank; usándose solo presenta una discriminación del 85%.
- *matK* (maturasa K - cloroplasto). Se trata de un *locus* que evoluciona rápidamente, lo que le confiere alta discriminación, usándose solo 66%. Sin embargo, su amplificación y alineación requieren bastante trabajo manual.
- *rpl32-trnL* (espaciador intergénico – cloroplasto). Presenta el nivel más alto de variabilidad entre distintos linajes de angiospermas, 78%, haciéndolo el espaciador intergénico de cloroplasto más informativo. Sin embargo, es sumamente variable su tamaño, 543 – 1417 pb, y presenta largos *indels* (inserciones/deleciones) lo que lo vuelve difícil de amplificar y su análisis bioinformático suele complicarse. Sumamente útil para diferenciar a nivel de especie en algunos grupos de angiospermas.
- *trnH-psbA* (espaciador intergénico – cloroplasto). Presenta un nivel alto de variabilidad entre distintos linajes de angiospermas evaluados, 53%, y tiene un alto porcentaje de amplificación, 93%. Es muy difícil encontrar secuencias bidireccionales y presenta bases ambiguas, y por su tamaño requiere oligos específicos, debe ser alineado apropiadamente para evitar que, debido a las inversiones asociadas a secuencias palindrómicas presentes en algunos linajes de angiospermas, separe especies cercanas en los análisis.
- *ITS2* (segundo espaciador transcrito interno del cistrón ribosomal nuclear – núcleo). *Locus* con alto porcentaje de amplificación, 94%, presenta alta divergencia inter-específica y una óptima tasa de discriminación entre especies, hasta un 93%.

A pesar del carácter consensual de la propuesta del grupo de trabajo de plantas del CBOL, uso combinado de *matK* y *rbcL* [14], otros autores han reconocido que el nivel de discriminación de esta combinación, a nivel de especie, alcanza un promedio aproximado del 70%

[16]. Dicha capacidad de identificación puede ser suficiente para aplicaciones como la investigación de interacciones planta-animal, identificación de especies vegetales protegidas, estudios de biodiversidad a larga escala, identificación de plántulas en programas de regeneración forestal, pero un nivel de discriminación mayor es esencial en estudios taxonómicos y otras aplicaciones que requieran una identificación absoluta de las especies [11]. Es posible concluir, entonces, que la combinación de *rbcL* y *matK* se debe considerar como un tamiz molecular rápido que brinde una primera idea de la identidad botánica de las especies, y debe ser afinado con la codificación de otros *loci*; por ejemplo, la combinación con el *locus trnH-psbA* aumenta el nivel de discriminación a nivel de especie (en algunos grupos) hasta un 87% [6, 13].

Las Tablas I y II se muestran los oligos y condiciones de PCR necesarios para la amplificación de los cinco marcadores recomendados por CBOL y estudios moleculares recientes [4, 10, 15, 17].

El proceso de codificación molecular comprende dos pasos básicos: (1) armado de una biblioteca de código de barras moleculares de las especies de interés y (2) la comparación, o asignación, de la secuencia nucleotídica de una especie desconocida contra la biblioteca de códigos de barras para su identificación inequívoca [3].

La comparación de muestras no identificadas contra los códigos de barras moleculares conocidos se realiza a través de distintos algoritmos de comparación. Los algoritmos más prácticos comienzan por la comparación de dos secuencias de DNA para generar una medición de distancia entre las secuencias [3]. Un algoritmo de alineamiento de secuencias es comúnmente empleado para asignar a la muestra no identificada una especie conocida a través de encontrar la secuencias más cercana de la biblioteca de códigos de barras moleculares; por ejemplo, la herramienta de búsqueda de alineación local básica (BLAST) disponible en el *GenBank* funciona perfectamente para conseguir dicho fin, siempre y cuando se alimente la base de datos con los códigos de barras moleculares que se vayan generando para las especies de interés [18]. Otros algoritmos utilizados comúnmente para medir distancias son el de Kimura de 2 parámetros, el algoritmo de Smith-Waterman y el análisis de Barcoding-Gap [19].

Distintos grupos de investigación alrededor del mundo están generando sus bibliotecas de códigos de barras moleculares enfocados al control de calidad del

material vegetal que se comercializa con fines terapéuticos [20–25].

Tabla I. Oligos correspondientes a los marcadores moleculares: *matK*, *rbcL*, *rpl32-trnL*, *trnH-psbA* e *ITS2*.

| Marcador molecular | Oligos (Fw/Rv) |
|--------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <i>matK</i> | <i>matK</i> -KIM 1R: 5'-ACC CAG TCC ATC TGG AAA TCT TGG TTC-3' <i>matK</i> -KIM 3F: 5'-CGT ACA GTA CTT TTG TGT TTA CGA G-3' |
| <i>rbcL</i> | <i>rbcLa</i> -F: 5'- ATG TCA CCA CAA ACA GAG ACT AAA GC-3' <i>rbcLa</i> -R: 5'-GTA AAA TCA AGT CCA CCR CG-3 |
| <i>rpl32-trnL</i> | <i>rpl32</i> -Vc: 5'- CAG TTC CAA AAA AAC GTA CTT C-3' <i>trnL</i> -Vd: 5'- CTG CTT CCT AAG AGC AGC GT-3' |
| <i>trnH-psbA</i> | <i>trnH</i> -2: 5'- CGC GCA TGG TGG ATT CAC AAT CC-3' <i>psbA</i> -F: 5'- GTT ATG CAT GAA CGT AAT GCT C-3' |
| <i>ITS2</i> | <i>ITS2</i> -S2F: 5'- ATG CGA TAC TTG GTG TGA AT-3' <i>ITS2</i> -S3R: 5'- GAC GCT TCT CCA GAC TAC AAT-3' |

Tabla II. Condiciones del termociclador para la amplificación de los marcadores moleculares: *matK*, *rbcL*, *rpl32-trnL*, *trnH-psbA* e *ITS2*.

| | <i>matK / rbcL</i> | | <i>rpl32-trnL</i> | | <i>trnH-psbA</i> | | <i>ITS2</i> | | | | |
|---------------------------|--------------------|--------|-------------------|-----------|------------------|--------|-------------|--------|--------|----|--------|
| | °C | Tiempo | °C | Tiempo | °C | Tiempo | °C | Tiempo | | | |
| Desnaturalización inicial | 94 | 2 min | 95 | 3 min | 94 | 2 min | 95 | 5 min | | | |
| Desnaturalización | 29 ciclos | 94 | 30 seg | 35 ciclos | 94 | 1 min | 40 ciclos | 94 | 30 seg | | |
| Alineamiento | | 52 | 40 seg | | 53 | 1 min | | 55 | 40 seg | 56 | 30 seg |
| Extensión | | 72 | 40 seg | | 72 | 2 min | | 72 | 40 seg | 72 | 45 seg |
| Extensión final | | 72 | 5 min | | 72 | 10 min | | 72 | 1 min | | |

La situación en México

En el caso de nuestro país, a pesar de que se calculan de 3300 a 4500 especies vegetales usadas en la medicina tradicional, bajo un mercado nacional e internacional con escasa a nula regulación, marcado por una falta de control de calidad y un sinnúmero de casos de adulteraciones y sustituciones [17], son muy pocas las plantas medicinales que han sido objeto de estudios genéticos enfocados a la generación de su código de barras molecular [17, 26], por lo que urge sumar esfuerzos para consolidar una biblioteca de los códigos de barras de las plantas medicinales de México.

Nuestro grupo de investigación en el Laboratorio de Etnobotánica Integrativa, llevó a cabo recientemente un trabajo en el cuál se evaluó un código de barras multi-*loci* sobre el complejo de plantas medicinales copalchi (*Hintonia latiflora*, *H. standleyana* y *Exostema caribaeum*) lo que permitió la identificación de las tres especies ayudando a resolver una disyuntiva taxonómica entre las especies del género *Hintonia* (Figura 1) [17]. Este estudio demostró la importancia de usar complementariamente marcadores moleculares y

químicos, fortaleciendo el control de calidad del material vegetal usado con fines medicinales.

Otros dos ejemplos de la generación y aplicación de los códigos de barras moleculares al control de calidad de plantas medicinales mexicanas, han permitido identificar inequívocamente muestras de poleo (*Clinopodium macrostemum*; Figura 2) y espinosilla (*Loeselia mexicana*; Figura 3) comercializadas en los mercados Sonora y Merced de la Ciudad de México (datos en proceso de publicación), corroborando así la necesidad de seguir generando códigos de barras moleculares de las plantas medicinales más utilizadas en nuestro país.

El uso de los códigos de barras moleculares para el control de calidad de plantas medicinales ha llegado a la Farmacopea Británica, en la monografía de *Ocimum tenuiflorum* [21]. En la Farmacopea Herbolaria de los Estados Unidos Mexicanos (FHEUM), solamente se consideran a los caracteres anatómico-estructurales y a los marcadores químicos como indicadores de la identidad del material vegetal [27], por lo que el desarrollo de código de barras moleculares sería un aporte valioso para su inclusión en las monografías del máximo documento regulador en materia de plantas medicinales en México.

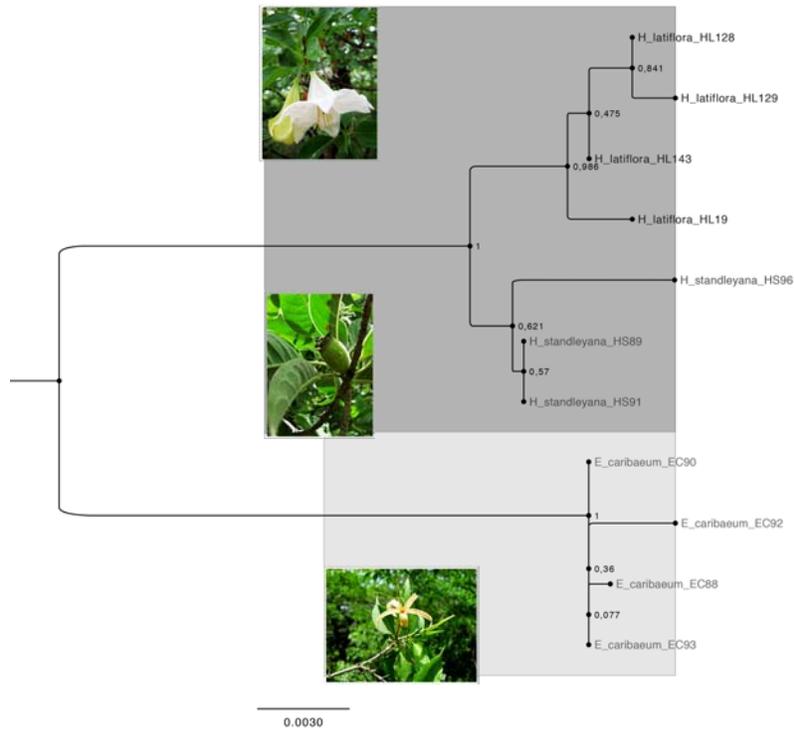


Figura 1. Cladograma generado por el método de Máxima Verosimilitud a partir de los marcadores moleculares concatenados *rpl32-trnL*, *trnH-psbA* e *ITS2* de las especies que conforman el complejo de plantas medicinales copalchi.

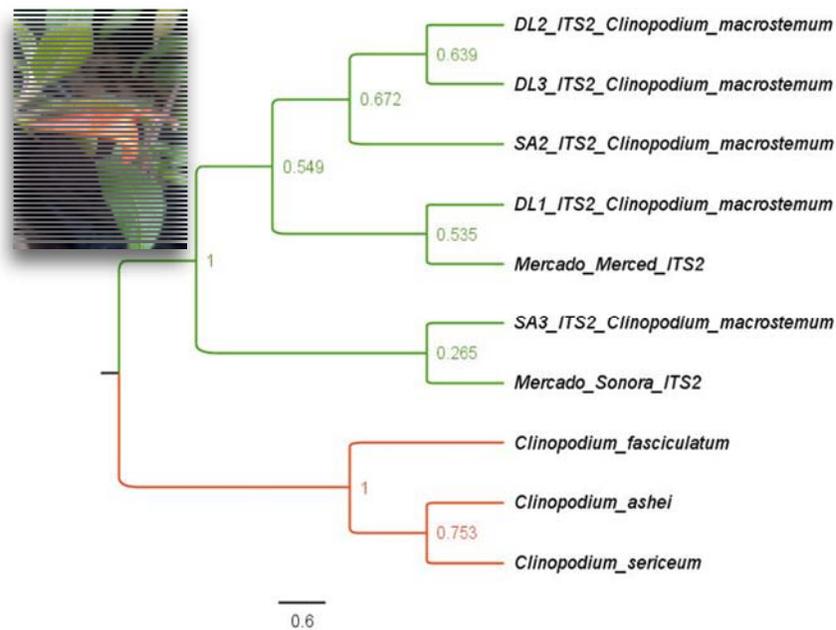


Figura 2. Cladograma generado por el método de Máxima Verosimilitud a partir del marcador molecular *ITS2* de distintas poblaciones de poleo (DL1, DL2, DL3, SA2, SA3; *Clinopodium macrostemum*), muestras comercializadas en los mercados Sonora y Merced, así como especies afines del género *Clinopodium*.

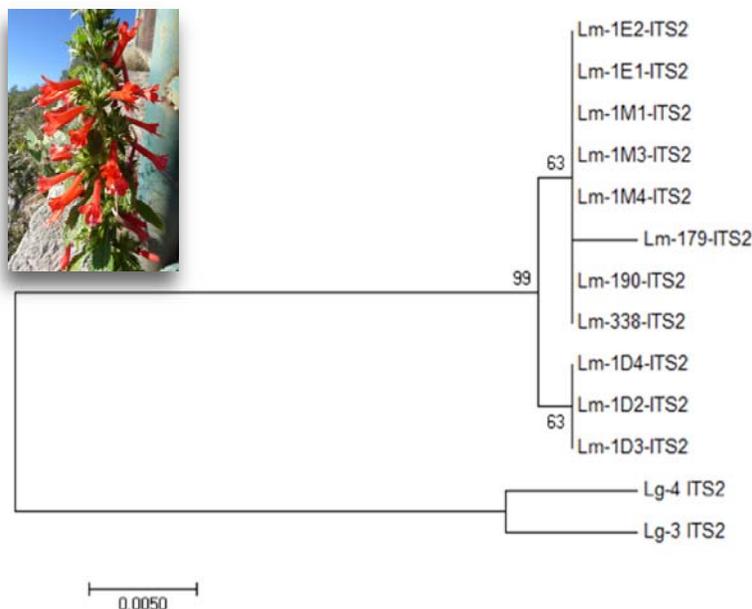


Figura 3. Cladograma generado por el método de Máxima Verosimilitud a partir del marcador molecular *ITS2* de distintas poblaciones de espinosilla (Lm-1E1, Lm-1E2, Lm-1M1, Lm-1M3, Lm-1M4, Lm-1D2, Lm-1D3, Lm-1D4; *Loeselia mexicana*), muestras comercializadas en el mercado Sonora (Lm-179, Lm-190, Lm-338), así como otra especie medicinal del mismo género (Lg-3, Lg-4; *L. glandulosa*).

Referencias

- Sahoo, N., Manchikanti, P., and Dey, S. (2010) Herbal drugs: Standards and regulation. *Fitoterapia*. **81**, 462–471. doi:10.1016/j.fitote.2010.02.001
- Hussain, K., Majeed, M. T., Ismail, Z., Sadikun, A., and Ibrahim, P. (2009) Traditional and complementary medicines: Quality assessment strategies and safe usage. *South. Med. Rev.* **2**, 19–23
- Kress, W. J., and Erickson, D. L. (2012) *DNA Barcodes. Methods and Protocols*. Humana Press, New York.
- Newmaster, S. G., Fazekas, A. J., and Ragupathy, S. (2006) DNA barcoding in land plants: evaluation of *rbcL* in a multigene tiered approach. *Can. J. Bot.* **84**, 335–341. doi: 10.1139/B06-047
- Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., and Janzen, D. H. (2005) Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **102**, 8369–8374. doi: 10.1073/pnas.0503123102.
- Nock, C. J., Waters, D. L. E., Edwards, M. A., Bowen, S. G., Rice, N., Cordeiro, G. M., and Henry, R. J. (2011) Chloroplast genome sequences from total DNA for plant identification. *Plant Biotechnol. J.* **9**, 328–333. doi: 10.1111/j.1467-7652.2010.00558.x
- Erickson, D. L., Spouge, J., Resch, A., Weigt, L. a., Kress, W. J., Weight, L. a., and Kress, W. J. (2008) DNA Barcoding in Land Plants: Developing Standards To Quantify and Maximize Success. *Taxon.* **57**, 1304–1316. doi: 10.2307/27756781
- Newmaster, S. G., and Ragupathy, S. (2010) Ethnobotany genomics - discovery and innovation in a new era of exploratory research. *J. Ethnobiol. Ethnomed.* **6**, 1–11. doi: 10.1186/1746-4269-6-2
- Hebert, P. D. N., and Gregory, T. R. (2005) The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Syst. Biol.* **54**, 852–859. doi: 10.1080/10635150500354886
- Chen, S., Yao, H., Han, J., Liu, C., Song, J., Shi, L., Zhu, Y., Ma, X., Gao, T., Pang, X., Luo, K., Li, Y., Li, X., Jia, X., Lin, Y., and Leon, C. (2010) Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS One.* **5**, 1–8. doi: 10.1371/journal.pone.0008613
- Roy, S., Tyagi, A., Shukla, V., Kumar, A., Singh, U. M., Chaudhary, L. B., Datt, B., Bag, S. K., Singh, P. K., Nair, N. K., Husain, T., and Tuli, R. (2010) Universal plant DNA barcode loci may not work in complex groups: A case study with Indian *Berberis* species. *PLoS One.* doi: 10.1371/journal.pone.0013674
- Vijayan, K., and Tsou, C. H. (2015) DNA barcoding in plants : Taxonomy in a new perspective. *Current Science.* **99**, 1530–1541
- Whitlock, B. A., Hale, A. M., and Groff, P. A. (2010) Intraspecific inversions pose a challenge for the trnH-psbA plant DNA barcode. *PLoS One.* **5**, 10.1371/journal.pone.0011533
- Hollingsworth, M. L., Andra Clark, A., Forrest, L. L., Richardson, J., Pennington, R. T., Long, D. G., Cowan, R., Chase, M. W., Gaudeul, M., and Hollingsworth, P. M. (2009) Selecting barcoding loci for plants: Evaluation of seven candidate loci with species-level sampling in three divergent groups of land plants. *Mol. Ecol. Resour.* **9**, 439–457. doi: 10.1111/j.1755-0998.2008.02439.x
- Shaw, J., Lickey, E. B., Schilling, E. E., and Small, Randall, L. (2007) Comparison of Whole Chloroplast Genome Sequences To Choose Noncoding Regions for Phylogenetic Studies in Angiosperms: the Tortoise and the Hare III. *Am. J. Bot.* **94**, 275–288. doi: 10.3732/ajb.94.3.275
- Nicolalde-Morejón, F., Vergara-Silva, F., González-Astorga, J., Stevenson, D., Vovides, A. P., and Sosa, V. (2011) A character-based approach in the Mexican cycads supports diverse multigene combinations for DNA barcoding. *Cladistics.* **27**, 150–164. doi: 10.1111/j.1096-0031.2010.00321.x
- Cristians, S., Bye, R., and Nieto-Sotelo, J. (2018) Molecular markers associated with chemical analysis: A powerful tool for quality control assessment of copalchi medicinal plant complex. *Front. Pharmacol.* **9**, 1–12. doi: 10.3389/fphar.2018.00666.

18. Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., and Lipman, D. J. (1990) Basic local alignment search tool. *J. Mol. Biol.* **215**, 403–410. doi: 10.1016/S0022-2836(05)80360-2
19. Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., and Achaz, G. (2012) ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Mol. Ecol.* **21**, 1864–1877. doi: 10.1111/j.1365-294X.2011.05239.x
20. Sucher, N. J., Carles, M. C. (2008) Genome-based approaches to the authentication of medicinal plants. *Planta Med.* **74**, 603–623. doi: 10.1055/s-2008-1074517.
21. Heinrich, M., and Anagnostou, S. (2017) From Pharmacognosia to DNA-Based Medicinal Plant Authentication - Pharmacognosy through the Centuries. *Planta Med.* **83**, 1110–1116. doi:10.1055/s-0043-108999
22. Palhares, R. M., Drummond, M. G., Dos Santos Alves Figueiredo Brasil, B., Cosenza, G. P., Lins Brandao, M. D. G., and Oliveira, G. (2015) Medicinal plants recommended by the world health organization: DNA barcode identification associated with chemical analyses guarantees their quality. *PLoS One.* **10**, 1–29. doi: 10.1371/journal.pone.0127866
23. Techen, N., Parveen, I., Pan, Z., and Khan, I. A. (2014) DNA barcoding of medicinal plant material for identification. *Curr. Opin. Biotechnol.* **25**, 103–110. doi: 10.1016/j.copbio.2013.09.010
24. Boer, H. J. De, Ichim, M. C., and Newmaster, S. G. (2015) DNA Barcoding and Pharmacovigilance of Herbal Medicines. *Drug Saf.* **38**, 611–620. 10.1007/s40264-015-0306-8
25. Mishra, P., Kumar, A., Nagireddy, A., Mani, D. N., Shukla, A. K., Tiwari, R., and Sundaresan, V. (2016) DNA barcoding: An efficient tool to overcome authentication challenges in the herbal market. *Plant Biotechnol. J.* **14**, 8–21. doi: 10.1111/pbi.12419
26. Gesto-Borroto, R., Cardoso-Taketa, A., Yactayo-Chang, J. P., Medina-Jiménez, K., Hornung-Leoni, C., Lorence, A., and Villarreal, M. L. (2019) DNA barcoding and TLC as tools to properly identify natural populations of the Mexican medicinal species *Galphimia glauca* Cav. *PLoS One.* **14**, 1–18. doi.org/10.1371/journal.pone.0217313
27. Comisión Permanente de la Farmacopea de los Estados Unidos Mexicanos (2013) *Farmacopea Herbolaria de los Estados Unidos Mexicanos*, 2a ed, Secretaría de Salud, Comisión Permanente de la Farmacopea de los Estados Unidos Mexicanos, Ciudad de México.



DR. SOL CRISTIANS NIIZAWA

Biólogo egresado de la Facultad de Ciencias y Doctor en Ciencias por la Universidad Nacional Autónoma de México.

Recientemente concluyó una estancia postdoctoral en el laboratorio de Etnobotánica del Jardín Botánico, Instituto de Biología de la UNAM, diseñando marcadores moleculares enfocados al

control de calidad de plantas medicinales.

Sus áreas de investigación versan en etnofarmacología, fitoquímica, etnobotánica y control de calidad enfocadas en la flora medicinal mexicana.

Sobre dicha temática ha publicado diez artículos en revistas científicas especializadas y su investigación en *Hintonia latiflora* ha sido retomada en la segunda edición de la Farmacopea Herbolaria de los Estados Unidos Mexicanos; su trabajo ha sido presentado en una veintena de congresos nacionales e internacionales.

Actualmente se encuentra adscrito como Investigador Asociado C, TC, al área de Etnobotánica Integrativa del Jardín Botánico – IBUNAM realizando análisis de identidad química y molecular, así como de composición y esquemas de propagación de flora útil mexicana, incorporando el estudio de las plantas comestibles subvaloradas (e.g. diversidad de quelites) y a los parientes silvestres de las plantas cultivadas.