

CÓDIGO DE BARRAS DE LA VIDA, UNA HERRAMIENTA PARA CONOCER Y CONSERVAR LA BIODIVERSIDAD

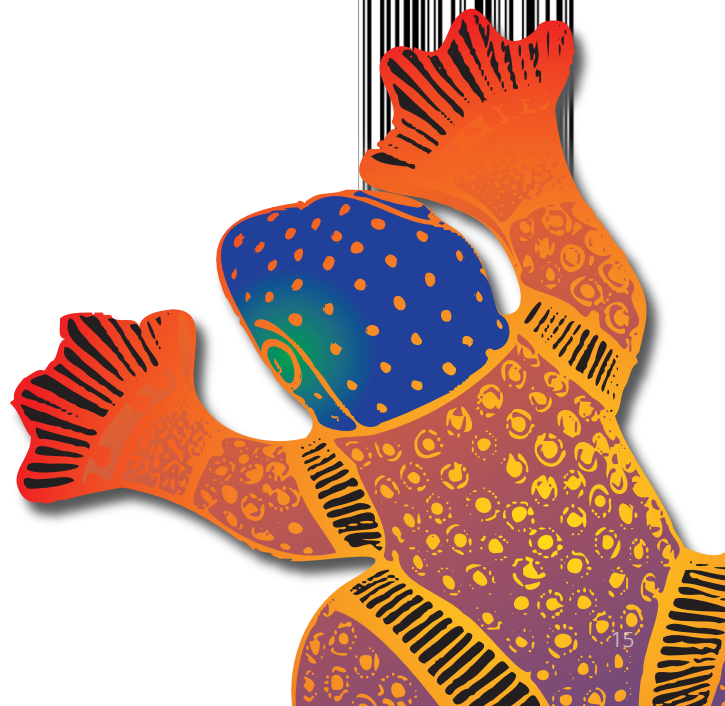
BARCODE OF LIFE, A TOOL
TO KNOW AND CONSERVE
BIODIVERSITY

ANA LAURA LARA RIVERA¹, MARÍA DE JESÚS
LÓPEZ LÓPEZ², LOURDES CERVANTES DÍAZ³

¹Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Nuevo León. México. alarar@uanl.edu.mx

²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Autónoma de Sinaloa. mary.lopez@uas.edu.mx

³Instituto de Ciencias Agrícolas. Universidad Autónoma de Baja California, Campus Mexicali. lourdescervantes@uabc.edu.mx



RESUMEN

La identificación y clasificación taxonómica tradicional de los organismos vivos requiere de un amplio adiestramiento y conocimiento en claves taxonómicas, sumando a esto la taxonomía tradicional se enfrenta a otros retos como la complejidad de identificar organismos en estadios inmaduros, diferenciar entre especies cercanas y caracterizar la biodiversidad, entre otros. La aplicación de tecnologías de análisis molecular presenta una nueva era de posibilidades para la solución de estos problemas; es por ello que en 2010 el Consorcio Internacional de Código de Barras de la Vida (iBOL) estableció una iniciativa a nivel mundial con el objetivo de construir una biblioteca de referencia de códigos de barras de ADN de libre acceso. A la fecha esta iniciativa ha logrado establecer redes de colaboración que han derivado en la resolución de dichos problemas de la taxonomía tradicional, así mismo se plantea el alcance de nuevos retos enfocados en la preservación de las especies en peligro y en establecer la presencia y relaciones de los organismos de un ecosistema.



PALABRAS CLAVE: Código de barra de la vida, biodiversidad, identificación y clasificación de organismos.

Key Words: Barcodes of Life, Biodiversity, Organism identification and classification.

ABSTRACT

Traditional identification, taxonomy, and classification of living organisms require extensive training and knowledge in taxonomic keys and face challenges such as the complexity of identifying organisms in immature stages, sexual dimorphism, and cryptic species, among others. The application of molecular analysis technologies presents a new era of possibilities for solving these problems; That is why in 2010 the International Barcode of Life Consortium (iBOL) established a global initiative to build a reference library of freely accessible DNA barcodes for the identification of living organisms. To date, this initiative has permitted to establishment of collaboration networks that have led to the resolution of problems in traditional taxonomy, as well as the scope of new challenges focused on the preservation of endangered species.



INTRODUCCIÓN

/// Imagina un mundo en el que puedes saber el nombre de cualquier animal, cualquier planta, cualquier hongo, cualquier organismo, en el instante, en cualquier lugar del planeta. Imagina que tienes acceso a todo el conocimiento de la humanidad sobre esa especie - ¿Es peligrosa? ¿Es parte de cierto ecosistema? ¿Se trata de una especie protegida? - ¿Cómo cambiaría esta posibilidad nuestras vidas, nuestras perspectivas, nuestro impacto en la biodiversidad del planeta?" Con estas palabras se presenta el Consorcio Internacional de Código de Barras de la Vida (iBOL) en su página de internet. ¿Qué tan cerca nos encontramos de esta visión que parece ciencia ficción? En las siguientes páginas se definirá el código de barras de ADN, su potencial, sus aplicaciones, sus mitos y sus perspectivas.

El término "biodiversidad" hace referencia a la variedad de formas de vida que pueden encontrarse en la Tierra en todos sus niveles. Desde la antigüedad, los seres humanos han usado distintos métodos de clasificación para el mundo que los rodeaba: así, las primeras civilizaciones incluían en el catálogo natural a los minerales. Aristóteles en el año 350 a. C. estableció el primer sistema de clasificación de los organismos vivos con el cual clasificó alrededor de 500 especies, principalmente animales y algunas plantas. A las plantas las dividió en plantas con flores y sin flores mientras que para los animales instituyó dos categorías *anaima* (animales sin sangre) y *enaima* (animales con sangre).

En la actualidad, la ciencia que se encarga de clasificar a los seres vivos de acuerdo a sus características es la taxonomía. El origen de la taxonomía, sin embargo, se le atribuye a Carlos Von Linneo, quien en su publicación de 1735 retoma las ideas de Aristóteles e instituye el sistema de clasificación de siete categorías o taxones: Reino, *Phylum*, Clase, Orden, Familia, Género y Especie que aún se utiliza con ciertas modificaciones. Linneo también instituyó un sistema para asignar un nombre único a todos los organismos, empleando el género y la especie: este sistema es conocido en la actualidad como nomenclatura binomial.

Si bien el papel de los taxónomos ha sido primordial para la clasificación y registro de los seres vivos, ciertas dificultades pueden obstaculizar la posterior identificación de los organismos utilizando guías taxonómicas. Por ejemplo, muchas especies presentan dimorfismo sexual, es decir, los machos y las hembras de la misma especie son físicamente distintos –los machos suelen ser más coloridos para atraer a las hembras. En estos casos, la correcta identificación de una especie dependerá de que el taxónomo tenga acceso a un macho adulto. Otro ejemplo se encuentra en organismos que presentan diversas fases en su desarrollo: ¿Cómo identificar adecuadamente un árbol por medio de su semilla? o ¿Cómo identificar un insecto utilizando una larva o un huevecillo?

El uso del ADN para identificar organismos ha revolucionado las leyes y la taxonomía desde que comenzó su uso en la década de 1980. Sin embargo, fue



hasta el año 2003 que propuso un método denominado código de barras de ADN para la identificación taxonómica de seres vivos. La tecnología de código de barras de ADN surgió como una respuesta a la necesidad de identificar organismos de manera rápida, confiable y precisa, ya sea como una herramienta de apoyo para los taxónomos, como una alternativa cuando no se dispone de especímenes adecuados para su identificación taxonómica o cuando esta resulta ser complicada, como en el caso de las especies que no se pueden distinguir por su morfología (denominadas como crípticas).

DESCRIPCIÓN DE LA TÉCNICA

La tecnología del código de barras de ADN se basa en usar un fragmento de un gen estandarizado (esto es, que sea el mismo para todos) de un organismo para distinguirlo como especie. En animales se usa un fragmento de un gen del ADN mitocondrial (ADNmt) para la identificación con los códigos de barras de la vida. El ADN mitocondrial presenta varias ventajas frente al ADN nuclear: se transmite por vía materna, por lo que no existe recombinación con el macho y al mismo tiempo el gen utilizado tiene una tasa de mutación diez veces más alta que otros. Además, cada célula puede poseer cientos o miles de mitocondrias, lo cual facilita la obtención del material genético, que a su vez suele ser más fácil de manipular que el ADN nuclear. Estas ventajas hacen que el ADNmt sea más fácil de analizar a partir de muestras difíciles de procesar como huesos o dientes conservados muy antiguos, especímenes disecados, pieles y otros tejidos conservados químicamente.

Cuando se hace por primera vez la identificación molecular de un organismo o se crea un registro nuevo, los especímenes deben de ser identificados previamente con base a su morfología o con pruebas microbiológicas para asegurar la identidad del individuo. Este trabajo normalmente debe ser realizado por un especialista. Adicionalmente, el ejemplar que fue identificado debe ser depositado en una colección científica de referencia para futuras revisiones. Se requiere que el hábitat del organismo sea descrito con precisión, incluyendo coordenadas geográficas del sitio y del ejemplar en sí mismo. Con estos organismos como referencia, cada vez que otro organismo de esa misma especie se analice, podrá ser identificado mediante una comparación con el que ya se analizó y está representado en una colección.

La identificación molecular puede lograrse siguiendo cuatro pasos sencillos (Figura 1):

1. En primera instancia, debe obtenerse una muestra de ADN del organismo que quiere identificarse. El ADN puede purificarse a partir de pelo, heces, sangre, músculo, hojas, tallo, semillas, huevos, patas, etcétera. Actualmente existen métodos muy sencillos y baratos que solo tardan media hora para generar una extracción de ADN de buena calidad.
2. A continuación, se amplifican regiones específicas del genoma del organismo. Esto significa obtener miles de millones de copias del gen de interés. Las plantas se identifican usando dos regiones de sus cloroplastos por lo general (conocidas como matK y rbL), a los animales se les identifica usando la primera mitad del gen mitocondrial que codifica para la citocromo oxidasa c de la cadena respiratoria y en los hongos se usan los dos fragmentos del ADN ribosomal (ITS1 e ITS2). Para este fin, se diseñan cebadores universales, que son pequeñas secuencias de ADN sintético que se usan para amplificar las regiones genómicas de interés mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).
3. Posteriormente, debe obtenerse la secuencia de los fragmentos amplificados. Esta secuencia consiste en conocer el orden en que se encuentran ordenados los 4 nucleótidos del ADN (adenina, timina, guanina y citosina) en estos fragmentos. En la actualidad las técnicas de secuenciación son más rápidas y su costo se ha reducido permitiendo al investigador secuenciar genes individuales manera rutinaria.
4. Finalmente, la secuencia obtenida se compara con las bases de datos, que normalmente se encuentran en línea y son abiertas a todo el público. Por ejemplo BOLD (boldsystems.org). Estas bases de datos contienen los archivos de los organismos previamente identificados. De este modo, si la secuencia obtenida coincide con la que se encuentra en la base de datos, significa que el organismo estudiado ha sido identificado.

CASOS DE ESTUDIO Y CONTROVERSIAS

Uno de los usos más nobles de estos marcadores moleculares consiste en identificar especies usando

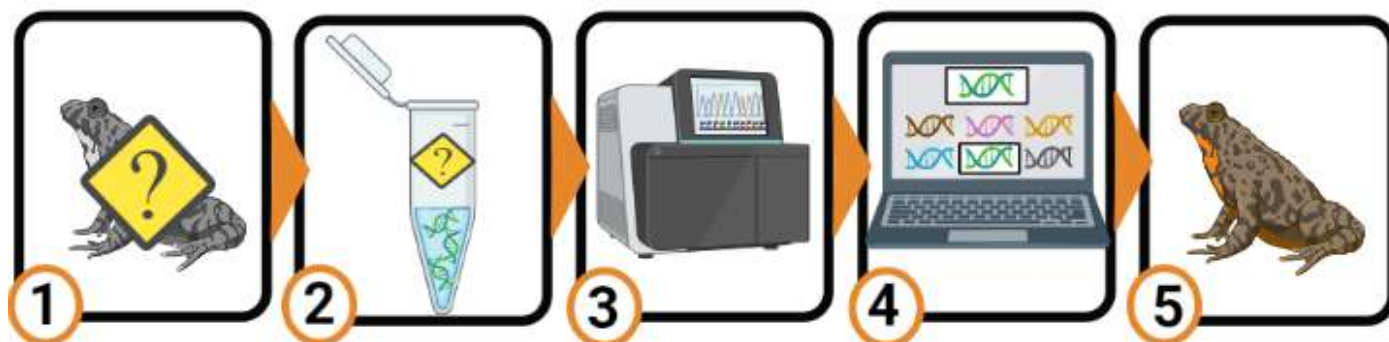


Figura 1. Proceso de identificación de un organismo mediante código de barras de ADN. Paso 1: Obtención de organismo desconocido. Paso 2: Extracción de ADN del organismo desconocido. Paso 3: Amplificación y secuenciación de ADN. Paso 4: Comparación de secuencia de ADN de organismo desconocido con secuencias de base de datos. Paso 5: Identificación de organismo.

muestras forenses. Entre los ejemplos de la aplicación del código de barras de ADN pueden mencionarse la identificación de subproductos de ballenas en el mercado japonés, lo cual puso en evidencia la caza ilícita de estos organismos. También sirven para la detección del comercio ilegal de aves a través de huevos o plumas que, de otro modo, serían muy difíciles de identificar. Incluso ha sido posible rastrear el sitio de origen de un individuo con base en su ADN, como un caso donde se identificaron el sexo y el origen geográfico de pieles de Leopardo en la India.

Algunos organismos son difíciles de identificar en ciertos estadios, como las larvas de *Elateridae*, una familia de coleópteros que causa daños a los cultivos. Las larvas son las que causan daños a plantas de cereal, sin embargo, es difícil identificarlas por métodos tradicionales (la morfología). El código de barras de ADN ha demostrado ser capaz de identificar estas larvas a nivel de especie rápidamente, con lo que se promueve un manejo más eficiente de plagas de importancia económica.

La identificación rápida y precisa de organismos puede también facilitar la práctica clínica facilitando el diagnóstico de enfermedades provocadas por patógenos. Un ejemplo de esto es la creación de la Sociedad Internacional de Micología Humana y Animal (ISHAM por sus siglas en inglés), que cuenta con una base de datos de miles de secuencias pertenecientes a cientos de especies representativas de hongos patógenos.

Por otro lado, en peces, más de 1500 publicaciones científicas avalan el uso la identificación a nivel de especie de cientos de peces alrededor del mundo, lo que constituye una herramienta poderosísima para la ubicación de especies tanto nativas como invasoras. Con esta metodología ha sido posible detectar el tráfico ilegal de aletas de tiburón de especies prohibidas.

A pesar de las amplias posibilidades de la tecnología del código de barras de la vida, existe cierto grado de controversia sobre la robustez de sus resultados y sobre si su uso demerita a la taxonomía tradicional, basada exclusivamente en la morfología. Algunos científicos consideran que el enfoque en un solo gen, principio en el cual se basa los códigos de barra de la vida, es inadecuado para describir toda la biodiversidad de algunos organismos. Esto es cierto en las plantas, donde con los dos genes propuestos (matK y rbcL) se tiene apenas un 70% de resolución. O en los hongos, donde es imposible alinear los dos fragmentos de ITS. Sin embargo, en animales llega a sobrepasar el 90% de precisión, un número que sobrepasa a muchos técnicos calificados y que también gana en tiempo, pues fragmentos aún más pequeños del gen COI (hasta 100 bp) tienen una alta precisión y se pueden obtener en menos de media hora.

Es probable que con el tiempo surjan marcadores moleculares que pudieran mostrar mayor eficacia o especificidad que la región usada en los códigos de barra de ADN, sobre todo en plantas y hongos. Sin embargo es innegable la utilidad que tienen en

la identificación de los organismos tal como se ha discutido en párrafos anteriores. La verdad es que, para optimizar la utilidad de esta tecnología, se requiere del trabajo conjunto de taxónomos y biólogos moleculares; primero, hay que identificar taxonómicamente a los organismos y posteriormente crear su código de barras de ADN. Una especie no puede describirse únicamente mediante su ADN, pero sí identificarse una vez que ha sido previamente trabajada.

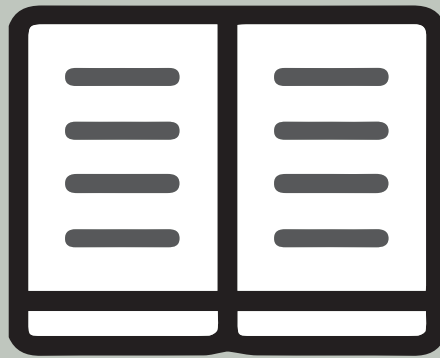
Finalmente, a partir de la información de las especies en bases de datos como BOLD, han permitido el desarrollo del llamado metabarcoding basado en el ADN ambiental. Esto significa que con solo muestras de suelo, agua o incluso aire, podemos identificar, por los rastros de ADN que dejaron, a todos los organismos que se encuentren en un hábitat determinado (por ejemplo, un bosque o un lago), sin necesidad de colectarlos o verlos.

PERSPECTIVAS

Una de las apreciaciones más comunes es que es muy complicado o costoso generar secuencias del ADN de los organismos. En países como el nuestro, donde las técnicas moleculares no han alcanzado el grado de expansión de los países desarrollados es cierto.

Sin embargo los biólogos, taxónomos, ecólogos y conservacionistas, no requieren entrenamiento ni equipo especial para procesar el ADN de sus especímenes. En la actualidad, la constante optimización de las tecnologías de secuenciación del ADN, el aumento en el interés en la técnica y el compromiso de centros de investigación especializados como la Universidad de Guelph en Canadá y el Smithsonian Institution en Estados Unidos, han hecho posible la generación de información genómica a bajo costo, tan solo enviando una pequeña muestra del organismo estudiado. También existen numerosos laboratorios sobre todo en Estados Unidos, Corea y China que desarrollan el trabajo a un costo muy bajo.

La tecnología de código de barras de ADN en los últimos años ha contribuido a resolución de problemas en la taxonomía tradicional y algunas áreas negras en la preservación de la biodiversidad y uso de recursos biológicos inadecuados. Estos antecedentes aunados al trabajo conjunto de investigadores alrededor del mundo enfocados en la recolección, identificación de especímenes y el enriquecimiento de la base de datos perfilan a esta tecnología como la herramienta más poderosa para la taxonomía moderna, con repercusiones en todos los ámbitos donde se requiere la identificación precisa de los organismos. Así mismo a medida que se acumulan los datos alrededor del mundo, se crean no solo una base de datos más robusta, sino relaciones entre investigadores e instituciones que eventualmente contribuirán a un mejor entendimiento, documentación y conservación de la biodiversidad del planeta. Además, las metodologías desarrolladas para el ADN ambiental ayudarán de una forma definitiva a entender la ecología y la conservación de los ecosistemas de nuestro planeta.



LITERATURE CITED

- International Barcode of life. En: <https://ibol.org/>. Accesado en enero de 2023.
- Baker C.S., S.R. Palumbi. 1994. Which whales are hunted? A molecular genetic approach to monitoring whaling. *Science*, 265:1538–1539. <https://www.science.org/doi/10.1126/science.265.5178.1538>
- Brusca, R.C., & G.J. Brusca. 2003. *Invertebrates* (Inc. Sinauer Associates Ed. Segunda ed.). 25 pp.
- Brown J.H. & M.V. Lomolino. 1998. *Biogeography*. Sunderland (MA): Sinauer Associates. <https://doi.org/10.1002/mmnz.20000760118>.
- Elias-Gutierrez, M., F.M. Jeronimo, N.V. Ivanova, M. Valdez-Moreno & P.D. Hebert. 2008. DNA barcodes for Cladocera and Copepoda from Mexico and Guatemala, highlights and new discoveries. *Zootaxa*, 1839(1), 1-42.
- Etzler, F.E., K.W. Wanner, A. Morales-Rodriguez & M.A. Ivie. 2014. DNA barcoding to improve the species-level management of wireworms (Coleoptera: Elateridae). *Journal of Economic Entomology*, 107(4), 1476-1485. <https://doi.org/10.1603/EC13312>.
- Gonçalves, P.F., A.R. Oliveira-Marques, T.E. Matsumoto & C.Y. Miyaki. 2015. DNA barcoding identifies illegal parrot trade. *Journal of Heredity*, 106(S1), 560-564. <https://doi.org/10.1093/jhered/esv035>.
- González-Solís, D., M. Elías-Gutiérrez, J.A. Prado-Bernal, & M.A. García-de la Cruz. 2019. DNA barcoding as a diagnostic tool of a rare human parasitosis: the first case of *Lago chilascaris* minor in Quintana Roo, Mexico. *Journal of Parasitology*, 105(2), 351-358. <https://doi.org/10.1645/18-129>
- Hebert, P.D., & T.R. Gregory. 2005. The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic biology*, 54(5), 852-859. <https://doi.org/10.1080/10635150500354886>.
- Irinyi, L., C. Serena, D. Garcia-Hermoso, M. Arabatzis, M. Desnos-Ollivier, D. Vu & W. Meyer. 2015. International Society of Human and Animal Mycology (ISHAM)-ITS reference DNA barcoding database—the quality controlled standard tool for routine identification of human and animal pathogenic fungi. *Medical mycology*, 53(4), 313-337. <https://doi.org/10.1093/mmy/myv008>.
- Ivanova, N.V., A.V. Borisenko & P.D. Hebert. 2009. Express barcodes: racing from specimen to identification. *Molecular ecology resources*, 9, 35-41. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02577.x>
- Lecona Urrutia, A.A. 2014. *Biología I* (MCGRAW-HILL INTERAMERICANA Ed. Segunda ed.). 130-133 pp.
- Mondol S., V. Sridhar, P. Yadav, S. Gubbi & U. Ramakrishnan. 2014. Tracing the geographic origin of traded leopard body parts in the Indian sub-continent with DNA-based assignment tests. *Consev Biol*. <https://doi.org/10.1111/cobi.12393>.
- Schwarz C., R. Debruyne, M. Kuch, E. McNally, H. Schwarcz, A.D. Aubrey, J. Bada & H. Poinar. 2009. New insights from old bones: DNA preservation and degradation in permafrost preserved mammoth remains. *Nucleic Acids Res*. 37:3215–29. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp159>
- Valdez-Moreno, M., N.V. Ivanova, M. Elías-Gutiérrez, S. Contreras-Balderas, & P.D.N. Hebert. 2009. Probing diversity in freshwater fishes from Mexico and Guatemala with DNA barcodes. *Journal of Fish Biology*, 74(2), 377-402.
- Valdez-Moreno, M., C. Quintal-Lizama, R. Gómez-Lozano & M.D.C. García-Rivas. 2012. Monitoring an alien invasion: DNA barcoding and the identification of lionfish and their prey on coral reefs of the Mexican Caribbean. *PloS one*, 7(6), e36636.
- Valdez-Moreno, M., N.V. Ivanova, M. Elias-Gutierrez, S.L. Pedersen, K. Bessonov & P.D. Hebert. 2019. Using eDNA to biomonitor the fish community in a tropical oligotrophic lake. *Plos one*, 14(4), e0215505.

