

DENUESTROPOZO



# Biodiversidad,

ADN y Códigos de Barras de la Vida

Martha Valdez Moreno

Como sabemos, México alberga una inmensa cantidad de especies de plantas y animales y ocupa el quinto lugar del mundo respecto a otros países megadiversos. Esto se debe a que geográficamente contamos con una posición privilegiada, una topografía compleja, grandes extensiones de costas y diversidad de climas, todo lo cual ha propiciado una gran variedad de condiciones propicias para la diversidad biológica.

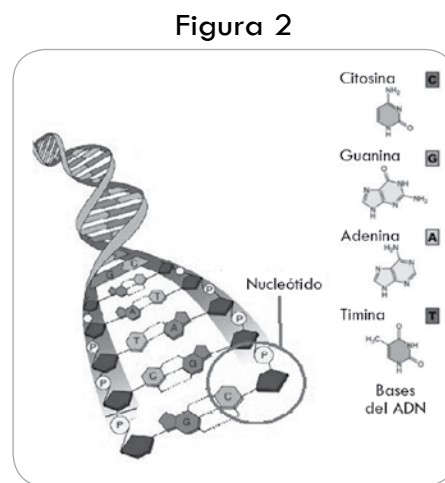
La biodiversidad es tan importante que se le considera el capital natural de la nación, tanto o más significativo que otros capitales, como el financiero o el manufacturado (vinculado a bienes materiales). Durante muchos años su estudio se ha realizado sobre todo mediante el análisis de las características morfológicas de los organismos: forma, color, tamaño, número de patas, forma de las alas, tipo de dientes, entre otras; sin embargo, existen organismos que son muy parecidos entre sí y diferenciarlos resulta muy difícil. Ante este dilema, las personas dedicadas a la ciencia han buscado otros criterios y final-

mente se encontró que el ácido desoxirribonucleico o ADN es de gran ayuda.

El ADN es una molécula que contiene información genética fundamental para regular y controlar todos los procesos vitales de los seres vivos. En los organismos eucariotas (algas, protozoos, hongos, plantas superiores y animales), se localiza dentro del núcleo de las células en unas estructuras llamadas cromosomas; también hay ADN en las mitocondrias (en el caso de los animales) y en los cloroplastos (en las plantas). En los organismos procariontes (bacterias), está disperso dentro de su cuerpo (Fig.1).

El ADN está constituido por dos cadenas de nucleótidos en forma de escalera retorcida a la que se conoce como "doble hélice". Cada nucleótido está integrado por tres moléculas: un fosfato, un azúcar (desoxirribosa) y una base nitrogenada. De esta última puede haber cuatro tipos: adenina (A), guanina (G), citosina (C) y timina (T), como se ve en la figura 2.

Si desdoblamos la doble hélice de ADN, podemos observar las dos cadenas; en el centro se encuentran las bases nitrogena-



das, la adenina siempre está unida a su base complementaria que es la timina, mientras que la citosina va con la guanina; las uniones se dan a través de enlaces químicos llamados puentes de hidrógeno. Cada base nitrogenada se une a un azúcar y este a un fosfato ligado a su vez a otro azúcar, mismo que se vincula a otra base nitrogenada y así sucesivamente.

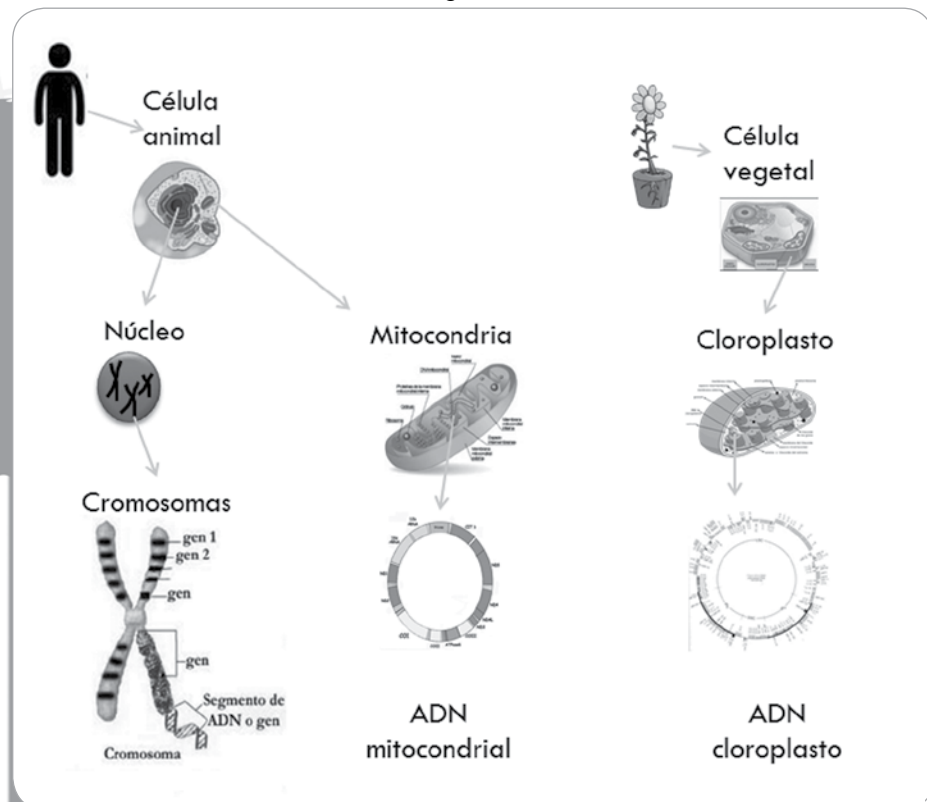
Ahora bien, si leemos la secuencia de los nucleótidos de la hilera de la izquierda de arriba hacia abajo y luego su complementaria, nos queda algo así:

- A-T
- T-A
- C-G
- G-C

Así sabemos cómo se ordenan los nucleótidos, es decir, cómo es la secuencia del ADN. Este ejemplo es muy sencillo porque solo hay cuatro nucleótidos del lado derecho y cuatro del izquierdo, o lo que es lo mismo, cuatro pares de bases. Sin embargo, la realidad es que puede haber muchísimos más pares. Para darnos una idea, se ha estimado que los seres humanos tienen aproximadamente 27,000 genes y cerca de 2,900 millones de pares de bases. ¡Si acomodáramos de forma lineal todo el ADN de una persona, llegaría de la tierra a la luna!

Secuenciar un número tan grande de pares de bases es muy difícil, por lo que se requiere estudiar el ADN por fragmentos pequeños. El proceso para determinar la secuencia del ADN es relativamente sencillo y existen diversas técnicas para hacerlo.

**Figura 1**



Indgenes tomados de: <http://elprofedebiologia.blogspot.mx/2010/02/origenes.html> y otras fuentes.

De forma muy general podemos decir que a partir de un trozo de tejido (por ejemplo, músculo), con ayuda de métodos específicos se rompen las células y se extrae el ADN; este se limpia y como hay muy poco, pasa a un proceso llamado amplificación por medio de la técnica de PCR (por sus siglas en inglés, Reacción en Cadena de la Polimerasa), misma que permite disponer de muchas copias del fragmento de ADN que deseamos conocer. El resultado se visualiza en unos geles especiales (similares a gelatinas), con luz ultravioleta. Si el resultado es positivo, se realiza un segundo PCR con unas bases nitrogenadas marcadas y finalmente se manda a secuenciar con ayuda de un equipo capaz de reconocer dónde quedaron las bases marcadas que emiten una fluorescencia especial. Los pasos son estos:

- Toma de tejido.
- Extracción de ADN.
- Amplificación del gen COI con PCR (más adelante se explica el significado de COI).
- Verificación de la cantidad de COI con geles de agarosa.
- Purificación y secuenciación del gen COI.
- Secuencia de ADN.

### ¿Y los códigos de barras?

En el año 2003, un investigador canadiense llamado Paul Hebert demostró que la secuencia de los nucleótidos de un gen mitocondrial conocido como citocromo oxidasa I o COI puede servir para identificar todas las especies de seres vivos, incluso en aquellos organismos que son casi idénticos. En los siguientes años se comprobó que esta idea era cierta en el caso de los animales, pero como las plantas tienen cloroplastos, los genes que se usan son otros como el matK y RBcl; en hongos se utiliza el gen nuclear ITS.

Cuando en una secuencia de nucleótidos sustituimos a las letras por colores: verde para la adenina, rojo para la timina, azul para citosina y negro o amarillo para la guanina, y los juntamos, tenemos como resultado un Código de Barras de la Vida. En esta

ilustración tendremos que imaginar los colores, pero pensemos en la siguiente secuencia: verde, rojo, amarillo, azul, y luego se repite el verde, rojo, amarillo, azul...



Para explicar la aplicación y utilidad de esta técnica, supongamos que vamos de recolecta y atrapamos tres peces. Los identificamos como siempre lo hemos hecho, analizando sus características morfológicas y les asignamos un nombre científico, el cual es único para cada especie y evita que se pueda confundir con otra. Después sacamos un pedazo de tejido y obtenemos su código. Si hacemos esto con muchos peces, al final tendremos una biblioteca de Código de Barras de la Vida (Fig.3).

Imaginemos ahora que te encuentras un pez como el último y resulta que no lo puedes identificar bien a partir de su morfología, porque se parece al primero aunque no es igual. Es decir, comparten algunas características externas pero otras no.

Entonces realizamos todos los pasos del proceso anterior para obtener su secuencia de ADN y la comparamos con las secuencias o código de barras de los que ya conocemos.

Si encontramos una secuencia parecida, significa que pertenecen a la misma especie; de lo contrario se trata de una especie diferente e incluso desconocida, lo que resulta muy interesante porque la podrías describir y darle un nombre científico pautado por ciertas reglas de un código internacional.

Esto lo realizan académicos y académicos de todo el mundo en un acuerdo común, lo que dio origen a un gran proyecto internacional llamado "The Barcode of Life" o Códigos de Barras de la Vida, en el que participan aproximadamente 30 países incluyendo a México.

En nuestro país nos organizamos en una red conocida como Red Mexicana de los Códigos de Barras de la Vida (MEXBOL, por sus siglas en inglés), que cuenta con tres laboratorios distribuidos en el centro, sur y norte. El Colegio de la Frontera Sur (ECOSUR) dispone de uno de esos laboratorios en su Unidad Chetumal, y hay 18 investigadoras e investigadores que trabajan con el tema en diferentes grupos de animales y plantas (para saber más, consulta las páginas [www.boldsystems.org](http://www.boldsystems.org) y [www.mexbol.org](http://www.mexbol.org)).

La herramienta ha sido utilizada para diferentes propósitos, como estudiar la biodiversidad, revisar contenidos estomacales (es decir, qué comen los organismos), identificar especies exóticas, determinar organismos portadores de enfermedades, fósiles y muchos más. Otros ejemplos de cómo se utilizan los códigos de barras los revisaremos en los siguientes artículos...

Martha Valdez Moreno es investigadora del Departamento de Sistemática y Ecología Acuática, ECOSUR Chetumal ([mvaldez@ecosur.mx](mailto:mvaldez@ecosur.mx)).

Figura 3. Biblioteca de Códigos de Barras de la Vida

