



C. del Aguila

El trabajo permitirá aclarar la situación sistemática de las especies incorporadas, como ratona común (arriba, derecha), carpintero campestre (arriba) y el tero (derecha).





C. del Aguila



E. Haene

Hace ya unos años los científicos están aplicando resultados de sus investigaciones en genética a otras disciplinas. Así, más de 130 instituciones han decidido sumar esfuerzos para generar una base de datos que entre otras cosas pueda ayudar a identificar a todas las especies de seres vivos del planeta. Las aves y los peces son los vertebrados con mayor avance en el armado de este catálogo genético, que aspira a convertirse en una herramienta clave en conservación.

El autor de este artículo Vicedirector del Museo Argentino de Ciencias Naturales, participa activamente de este desafío internacional. Aquí nos pone al tanto del proyecto y del papel que juega la Argentina.

El código de las aves

AVANCES ARGENTINOS EN EL CATÁLOGO GENÉTICO DE LA BIODIVERSIDAD DEL PLANETA

NACE EL PROYECTO

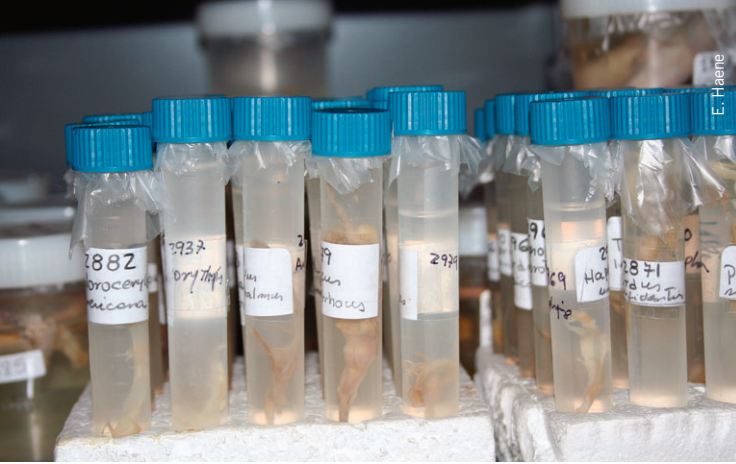
Por unos instantes, imaginemos las consecuencias prácticas de una idea tan simple como utilizar una secuencia corta y estándar de ADN (el material genético de las células) para identificar todas las especies de organismos que hay sobre la Tierra.

Estas secuencias genéticas serían equivalentes a los códigos de barras que se utilizan para reconocer productos en un supermercado y permitirían identificar, nada más ni nada menos que cada una de las especies en cualquier etapa de su ciclo de vida, algo que actualmente no es posible para la mayoría de los organismos. Además po-

drían identificarse especies a partir de fragmentos minúsculos, algo que revolucionaría la biología forense.

En 2003, el científico canadiense Paul Hebert propuso el uso de una porción de la secuencia de un gen mitocondrial (que técnicamente llamamos la citocromo c oxidasa subunidad 1 o COI), como la secuencia de referencia que podría utilizarse a manera de un código de barras genético. Un año más tarde se creó el Consorcio del Código de Barras de la Vida (CBOL, por sus siglas en inglés), una alianza internacional hoy integrada por más de 130 museos, universidades y laboratorios moleculares de 40 países, que promueve la obtención y uso de las secuencias de

Por Pablo Tubaro



E. Haene

La colección de tejidos congelados de aves del Museo Argentino de Ciencias Naturales con sus respectivos ejemplares de colección (*vouchers*) aumentó en forma exponencial durante los últimos 8 trimestres, alcanzando en la actualidad los 2.500 individuos de casi 500 especies de aves argentinas.

la COI para la identificación y descubrimiento de nuevas especies. El secretariado de esta iniciativa se encuentra en el National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, de los Estados Unidos y sus actividades están financiadas por la Fundación Sloan de Nueva York.

Estas instituciones están promoviendo proyectos dirigidos a la creación de sistemas operativos de «códigos de barras genéticos» (ver: <http://barcoding.si.edu>). Uno de esos proyectos es el ABBI (All Birds Barcoding Initiative, que puede consultarse en www.barcodingbirds.org), que busca obtener las secuencias de dicho gen para las 10.000 especies de aves silvestres para el año 2010, brindando así un recurso valioso para los planifi-



E. Haene



E. Haene

Yolanda Davies preparando las pieles de la colección.

ASÍ FUNCIONA EL CÓDIGO DE BARRAS GENÉTICO

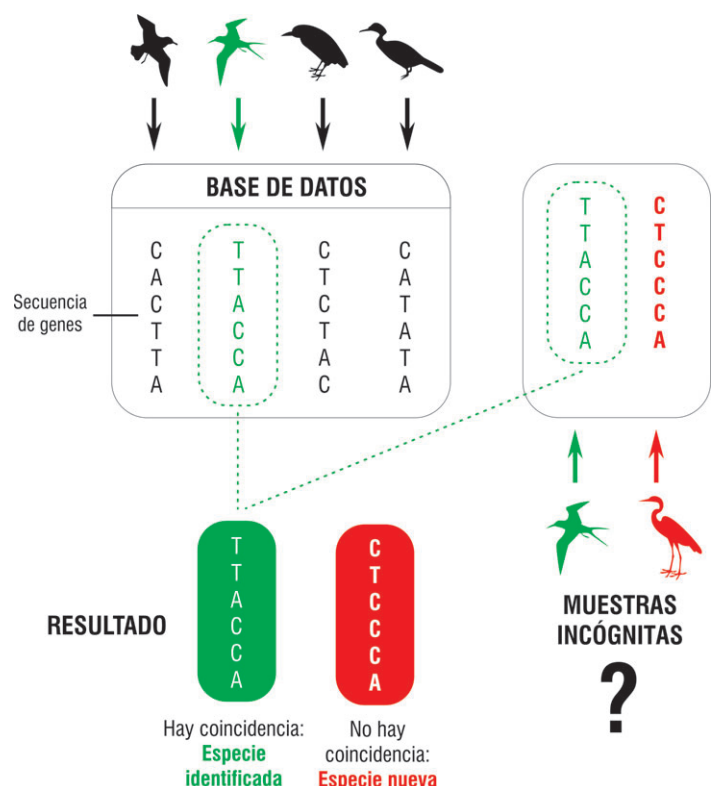
El primer paso es **obtener las secuencias del gen de referencia (el de la COI para animales)** a partir de muestras de tejido de individuos identificados mediante los métodos morfológicos clásicos y que se encuentran depositados en colecciones de museos que pueden ser revisados todas las veces que sea necesario para confirmar su identidad. El segundo paso es **almacenar toda la información de las secuencias en una base de datos de acceso libre**. Por último, **cualquier nueva muestra puede ser comparada con la base de datos y por similitud encontrar el nombre de la especie a la que pertenece la muestra incógnita**. En caso de que la secuencia no corresponda con ninguna de la base de datos, podría significar que estamos frente a una especie nueva. Confirmar esta sospecha requiere de otras evidencias (morfológicas, comportamentales, genéticas, entre otras) pero de esta manera se espera que el Código de Barras Genético ayude a descubrir gran parte de la biodiversidad del planeta.

Un ejemplo: el caso del sobrepuesto común y andino



H. Burn - Handbook

Las divergencias de las secuencias de la COI pueden confirmar la elevación al rango de especies de formas tales como *Lessonia rufa* y *Lessonia oreas*.





E. Haene

cadadores de la conservación, ornitólogos, ecólogos, oficiales de salud pública y público interesado.

Las aves son un modelo ideal para evaluar la efectividad de esta metodología basada en el gen mitocondrial -útil para identificar y descubrir nuevas especies- ya que la taxonomía de este grupo es la mejor conocida de todo el Reino Animal.

Por otra parte, una particularidad de los proyectos de códigos de barra genéticos, como el ABBI, es que cada secuencia válida tiene que estar asociada a un ejemplar de colección (que se denomina *voucher*) para que pueda ser consultado siempre que sea necesario a fin de confirmar su identidad por métodos clásicos.

Esto le da un enorme valor agregado a las colecciones de los museos y constituye una excelente oportunidad para ampliarlas dado que en muchos casos no existen materiales conservados de los que pueda extraerse ADN de alta calidad.

EL CÓDIGO ARGENTINO

El Museo Argentino de Ciencias Naturales «Bernardino Rivadavia» es uno de los miembros de este consorcio internacional y ya inició el desarrollo del Código de Barras de las Aves de la Argentina, en colaboración con la Universidad de Guelph. Recientemente, el Museo ha recibido un subsidio de la Fundación Richard Lounsbery de los Estados Unidos para completar el proyecto hacia fines de 2008 y montar un laboratorio de genética molecular para realizar este tipo de estudios.

Esto le ha dado un gran impulso a la Colección Nacional de Ornitología, que actualmente cuenta con tejidos congelados de aproximadamente 2.500 individuos pertenecientes a casi 500 especies de las aves del país. Los ejemplares poseen además su *voucher* de referencia tal como lo requiere el estándar acordado entre las organizaciones. Además se han secuenciado casi un millar de ejemplares de más de 300 especies y se proyecta para Marzo de 2007 disponer del código de barras genético de cerca del 50% de las aves argentinas.

El Código de Barras genético de las aves está avanzando rápidamente y los resultados prelimi-



E. Haene

Dentro de la Colección Nacional de Ornitología, los tejidos son congelados a -86°C en un ultrafreezer. Los ejemplares morfológicos de los cuales se han obtenido tejidos son mayormente preservados como pieles de estudio, más esqueletos parciales en armarios separados de la colección general. Este cuidado especial se debe a que los ejemplares secuenciados constituyen los tipos de referencia genéticos para el nuevo sistema de identificación de especies basados en la secuencia de la COI (gen de referencia).



E. Haene

nares muestran que es altamente efectivo en la identificación correcta de especies. El análisis de las secuencias de la COI de 643 especies (el 93% de las aves que crían en Norteamérica) mostró que los códigos de barras genéticos permiten la identificación correcta de la especie en el 94% de los casos. En el 6% donde esto no es posible, se puede llegar hasta el género correcto (ver bibliografía recomendada). Además, se encontró que en un 2% de las especies existe un alto grado de divergencia en las secuencias de la COI que sugiere la posible existencia de especies similares pero diferentes. Si aplicamos estos mismos porcentajes a la avifauna argentina significaría que por lo menos 20 especies nuevas de aves podrían ser descubiertas para cuando el proyecto esté terminado, lo cual constituiría una de las contribuciones más significativas a la ornitología del país de los últimos años.

BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA

- Hebert, P. D. N., Stoeckle, M. Y., Zemiak, T. S. and C. M. Francis. 2004. Identification of birds through DNA barcodes. *PLoS Biology* 2:1657-1663.
- Kerr, K. C. R., Stoeckle, M. Y., Dove, C. J., Weigt, L. A., Francis, C. M., and P.D. N. Hebert. 2007. Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds. *Molecular Ecology Notes*. doi: 10.1111/j.1471-8286.2006.01670.x