



# CÓDIGOS DE BARRAS

PARA IDENTIFICAR A LOS

# SERES VIVOS

Alejandro Ocegüera Figueroa y Virginia León-Règagnon

Describir y clasificar seres vivos es a lo que se dedican los taxónomos. El uso de herramientas de la biología molecular ha aportado no sólo una nueva dimensión a nuestro entendimiento de la biodiversidad, también la posibilidad de que estas herramientas se usen fuera del ámbito de la biología.



Cícada.

**A la aduana** ha llegado un cargamento de salmón proveniente de Canadá. El inspector sanitario detecta en la carne unas formas alargadas y rojizas. Debe detener el cargamento hasta saber de qué se trata. Se comunica con el Instituto de Biología de la UNAM, donde en otras ocasiones le hemos ayudado a identificar larvas de insectos y otros bichos que ha encontrado en los cargamentos. Como taxónomos expertos, dedicados a describir y clasificar a los seres vivos, debemos examinar los ejemplares directamente y solicitamos al inspector que nos envíe una muestra. Cuando ésta llega dejamos de lado el trabajo que estábamos haciendo —la descripción de una especie nueva de parásitos de lagartijas— para estudiar el gusano encontrado en el salmón. Con la ayuda del microscopio buscamos las estructuras características de la especie para poder identificarlo, pero no existen: sólo nos enviaron un trozo de gusano que no puede reconocerse. Lo bueno es que podemos obtener la secuencia de ácido desoxirribonucleico (ADN) del fragmento apropiado y al compararla con otras ya registradas identificamos al ejemplar como *Anisakis*, un nemátodo que en estadio larvario se encuentra en la carne de peces marinos y puede infectar al ser humano. Avisamos

al inspector del resultado para que tome las medidas pertinentes, y regresamos a nuestro trabajo interrumpido; han pasado 10 días.

Es posible que en un futuro próximo el inspector sanitario ya no tenga que depender del taxónomo (salvo en casos muy excepcionales), ni esperar tanto tiempo; podrá contar con un aparato que lee “códigos de barras” genéticos; en éste



Foto: cortesía Mark Probst

podrá introducir un pequeño trozo del organismo en cuestión y en unos minutos tener la identificación en su pantalla. Y el taxónomo no se verá obligado a interrumpir el trabajo que le apasiona: describir la diversidad biológica del planeta.

### Nuevo criterio de clasificación

La biología molecular, es decir, la ciencia que se ocupa del estudio de las bases moleculares de la vida, relacionando las estructuras de las biomoléculas con las funciones específicas que desempeñan en la célula y en el organismo, ha aportado una nueva dimensión al entendimiento de la biodiversidad y por lo tanto, un criterio de clasificación de los seres vivos más simplificado para fines prácticos. Esta ciencia se inauguró en 1953, cuando James Watson y Francis Crick descubrieron la estructura del ADN, en la Universidad de Cambridge, Inglaterra. Esta molécula es la encargada de transportar la información genética de padres a hijos en casi todos los organismos vivos y contiene además la información necesaria para formar un organismo completo a partir de un óvulo fecundado. El ADN está formado de cuatro componentes básicos llamados nucleótidos (adenina, guanina, timina y citosina), que se combinan en los

organismos formando lo que llamamos el código genético. En los genes —que son segmentos de ADN con la información necesaria para formar proteínas— el orden de los nucleótidos es variable y esta variación es responsable de la diversidad biológica, lo que hace que el ADN de un perro produzca un perro y que el de un ratón produzca un ratón. No obstante, que sepamos que ésta es la razón de la diversidad, no responde del todo el misterio que implica, pues, por ejemplo, los genes del chimpancé, nuestro pariente más cercano, son casi iguales a los del ser humano; una diferencia de alrededor del 1% es lo que nos hace distintos.

La diferencia en el orden de los nucleótidos en cada uno de los genes es utilizada por los biólogos para identificar las numerosas especies. De aquí nació la idea de crear una base de datos o clasificación cuyo criterio fuera la secuencia de nucleótidos de cada especie y que ésta se representara como los códigos de barras que se emplean en el comercio para identificar los productos.

Paul Hebert, de la Universidad de Guelph, en Canadá, ideó un método con el que se podría identificar a cada uno de los seres vivos usando secuencias cortas de ADN. Su idea ha funcionado bien en muchos casos, particularmente en el reino animal. En general, se plantea

que los taxónomos continúen realizando la labor que han venido haciendo, pero que a sus descripciones morfológicas y clasificaciones agreguen una secuencia de ADN representada en un código de barras que permita a los que no son especialistas

## DESAFÍOS PARA UNA CIENCIA

Bien puede decirse que la profesión más antigua del mundo es la taxonomía. Desde antes de que el ser humano fuera tal, y mucho antes de que se

desarrollaran la escritura, el comercio y el fútbol, existió la necesidad de nombrar y clasificar a los seres vivos. De alguna forma, los humanos primitivos tuvieron que diseñar un sistema que les permitiera comunicar la diferencia entre un tigre dientes de sable y una liebre. Al igual que todas las ciencias, la taxonomía ha incorporado nuevas tecnologías durante su desarrollo. Así lo que comenzó hace miles de años como pinturas en cuevas que representaban humanos cazando animales es hoy una ciencia sumamente especializada, cuyo objetivo es la descripción y clasificación de los seres vivos. En la actualidad la taxonomía afronta varios desafíos, entre ellos el reducido número de especialistas capaces de identificar y nombrar a las distintas especies. Pero sin duda es

la altísima tasa de destrucción de los ecosistemas, y la consecuente extinción de miles de especies, lo que representa el mayor problema. Los taxónomos, conscientes de la lentitud del proceso de descripción de especies, y del aún más lento proceso de difusión de la información, han propuesto algunas alternativas encaminadas a solventar estos problemas. Algunas incluyen el uso del Internet, por ejemplo en la revista electrónica *Zootaxa* se han descrito más de 10 000 especies de animales del 2001 a la fecha, lo que representa un ritmo sin precedentes. De manera independiente se realiza un proyecto para construir una página web para cada una de las aproximadamente 1.8 millones de especies descritas en lo que se ha denominado Enciclopedia de la vida (*Encyclopedia of life* o EOL) en donde se incluirán fotografías, descripciones e información general. Aunado a esto, el uso de las herramientas de la biología molecular ha aportado una nueva dimensión a nuestro entendimiento de la biodiversidad.

reconocer rápidamente las especies. En el caso del reino animal se ha propuesto que el gen citocromo *c* oxidasa, localizado en las mitocondrias, puede funcionar para tal trabajo. Las mitocondrias son los organelos en donde se lleva a cabo la respiración celular; aunque la mayor parte del ADN de la célula está en el núcleo celular, la mitocondria tiene su propio genoma, el cual muestra muchas semejanzas con los genomas bacterianos. El gen citocromo *c* oxidasa es prácticamente del mismo tamaño en todos los animales y se ha planteado que un fragmento de 650 nucleótidos de dicho gen presenta suficiente variación para permitirnos discernir entre dos especies cercanamente emparentadas.

### Análisis del ADN

Sin duda habrás notado que muchos animales son fácilmente distinguibles cuando ya han alcanzado su madurez; por ejemplo, muchas aves y peces de ornato son muy parecidos cuando acaban de nacer y se mantienen así durante varias etapas de su desarrollo, pero al alcanzar el estadio adulto desarrollan diferencias propias de su especie. Esto ha causado un sinnúmero de problemas a los biólogos que en algunas ocasiones no tienen elementos para identi-



Foto: cortesía Miroslav Vajdič



Muestra del registro taxonómico para *Astraptes fulgerator* en Barcode of Life Data Systems (BOLD).

ficar ejemplares jóvenes. Estas dificultades serían fácilmente superadas usando el código de barras, pues las secuencias de ADN no cambian a lo largo de la vida de un determinado individuo; es decir, las larvas, jóvenes y adultos de una especie tienen el mismo ADN.

En algunas ocasiones los taxónomos tienen que determinar la especie usando sólo partes del organismo, por ejemplo una hoja, un pelo o piel. Una de las grandes ventajas del código de barras es que el ADN es el mismo en todas las células corporales, así que aunque se analice sólo una pequeña parte de un organismo, es posible identificarlo.

Esta herramienta tiene además otros usos importantes fuera del ámbito de la biología, como ayudar a evitar el tráfico de especies en extinción. Por ejemplo, un agente de aduanas que recibe un embarque de palmas de ornato; según los comerciantes se trata de palmas de sombra sembradas en invernaderos controlados, sin embargo, al hacer uso del código de barras genético, el agente se da cuenta que no se trata de palmas, sino de cícadas, un grupo de plantas consideradas como fósiles vivientes que crecen muy lentamente (algunos milímetros al año) y que llegan a vivir cerca de 1000 años. Como las cícadas están protegidas por las leyes mexicanas, el agente tendría una evidencia sólida

para remitir a los traficantes de especies con las autoridades competentes. En el mismo orden de ideas, el agente podría saber si los embarques etiquetados como salmón lo son en realidad o si se trata de algún otro pescado de menor calidad.

Como puedes ver, el impacto de la iniciativa del código de barras genético puede ser muy grande, pero ¿cómo lo

puede aplicar alguien que no sepa biología? Actualmente diferentes universidades y empresas privadas, especializadas en biotecnología y nanotecnología, trabajan para lograr un dispositivo del tamaño de un teléfono celular en el que se pueda colocar una muestra de tejido de cualquier organismo, y en el que se lleven a cabo todas las reacciones bioquímicas necesarias para obtener su secuencia de ADN. Esta secuencia sería enviada por comunicación satelital a uno de los centros donde se almacenen los datos y en cuestión de minutos, el interesado podría recibir el nombre de la especie a la que pertenece el organismo. Obviamente el precio de este tipo de dispositivos será elevado al principio, sin embargo, como pasa con la tecnología, sólo es cuestión de tiempo para que se hagan accesibles al público. La técnica de secuenciación es similar a la que se ha usado para descifrar el genoma completo de algunas especies, como la del ser humano, sin embargo en este caso sólo se secuencian un pequeño fragmento de ADN que sirve para identificar al organismo, lo que le permitirá al dispositivo hacerlo con gran rapidez.

Todo esto representa, además, una oportunidad invaluable para hacer pública y accesible a todos la información almacenada por años en los museos e institutos de investigación científica.





### El papel de México

En febrero de 2005, durante la primera reunión internacional del Consorcio del Código de Barras de la Vida (CBOL), el Instituto de Biología de la UNAM, representando a nuestro país, se sumó a la lista de más de las 170 instituciones de 50 países que apoyan esta iniciativa. El 2 de marzo de 2009, arrancó en funciones la Red Temática MEX-BOL (Código de Barras de México), con el apoyo del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT). Esta red está constituida por el Instituto de Biología de la UNAM, El Colegio de la Frontera Sur y el Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste y tiene como objetivo promover la generación de códigos de barras de todas las especies de México. Éste será sin duda un esfuerzo titánico, considerando que la biodiversidad de México es una de las más grandes del mundo. Solamente con la participación y colaboración de un gran número de especialistas de diversas instituciones a lo largo y ancho del territorio nacional, será posible realizarlo. Afortunadamente, el gobierno mexicano, a través de la Comisión Nacional para el Uso de la Biodiversidad y del CONACYT, ha mostrado un gran interés en el desarrollo de esta herramienta en México.

Sin duda cuando otros sectores, como el agropecuario o el médico, se den cuenta del potencial de esta herramienta, el apoyo será mucho mayor.

Como muestra del interés que esta iniciativa ha despertado en la comunidad científica de nuestro país, México fue elegido como sede de la Tercera Reunión Internacional del Código de Barras de la Vida, que se celebrará del 7 al 13 de noviembre en la Ciudad de México.

### Las críticas

Los investigadores han reaccionado de muy distintas maneras a la iniciativa del código de barras. Algunos han sugerido que es una excelente idea y que debe ser apoyada por gobiernos, agencias a nivel mundial y por biólogos. Sin embargo, las críticas más fuertes provienen de varios grupos de taxónomos que consideran, entre otras cosas, que el uso de este tipo de herramientas trivializa la taxonomía ya que la reduce a un sistema de identificación de especies en lugar de ser una ciencia independiente. Además, se han hecho algunas objeciones metodológicas y prácticas, como la de que este sistema sólo funciona en los grupos bien representados en las bases de datos (por ejemplo los vertebrados), pero no en los que no lo están y

### MAS INFORMACIÓN

- El proyecto "Barcode of Life": <http://www.barcoding.si.edu>
- Reportaje del diario *El País* de España [http://www.elpais.com/articulo/futuro/Codigo/barras/genetico/elpepusocfut/20070221elpepifut\\_2/Tes](http://www.elpais.com/articulo/futuro/Codigo/barras/genetico/elpepusocfut/20070221elpepifut_2/Tes)

que, en general, son los más diversos, por ejemplo, los invertebrados. La precisión del código de barras genético depende de qué tan completa sea la base de datos con la cual se comparan las secuencias de ADN representativas de los organismos que queremos identificar; en este sentido, diversos grupos taxonómicos son completamente desconocidos desde el punto de vista de su ADN, de manera que si por casualidad alguna persona colecta uno de estos animales y envía su secuencia para su identificación, el resultado sería muy poco preciso. El sistema de identificación por códigos de barras funcionará mejor en los grupos poco conocidos en la medida en que se vayan describiendo y documentando más y más especies. El proyecto del código de barras fue concebido como un sistema de identificación de especies, no como un sistema para reconocer ni caracterizar nuevas especies, trabajo que continúa completamente en manos de los taxónomos.

El proyecto del código de barras genético, lejos de resolver la pregunta de cuántas especies viven en la Tierra, es una herramienta que nos permite hacer inventarios de especies en tiempos relativamente cortos, lo cual podría dirigir los esfuerzos de los taxónomos hacia ciertos grupos no bien explorados, haciendo más eficiente nuestra catalogación de los seres vivos. 🐟

Alejandro Ocegüera Figueroa es biólogo egresado de la Facultad de Ciencias de la UNAM donde cursó la maestría en ciencias biológicas bajo la dirección de Virginia León-Régagnon. Actualmente realiza el doctorado en la Universidad de la Ciudad de Nueva York y en el Museo Americano de Historia Natural, Estados Unidos.

Virginia León-Régagnon es doctora en biología por la UNAM. Realizó una estancia posdoctoral en la Universidad de Toronto, Canadá. Actualmente trabaja en la Estación de Biología Chamela, del Instituto de Biología de la UNAM. Su investigación se enfoca al estudio de parásitos de anfibios y reptiles y a la evolución de las relaciones parásito-hospedero.