

El Instituto de Biología podría inventariar especies; tiene infraestructura y recursos humanos suficientes

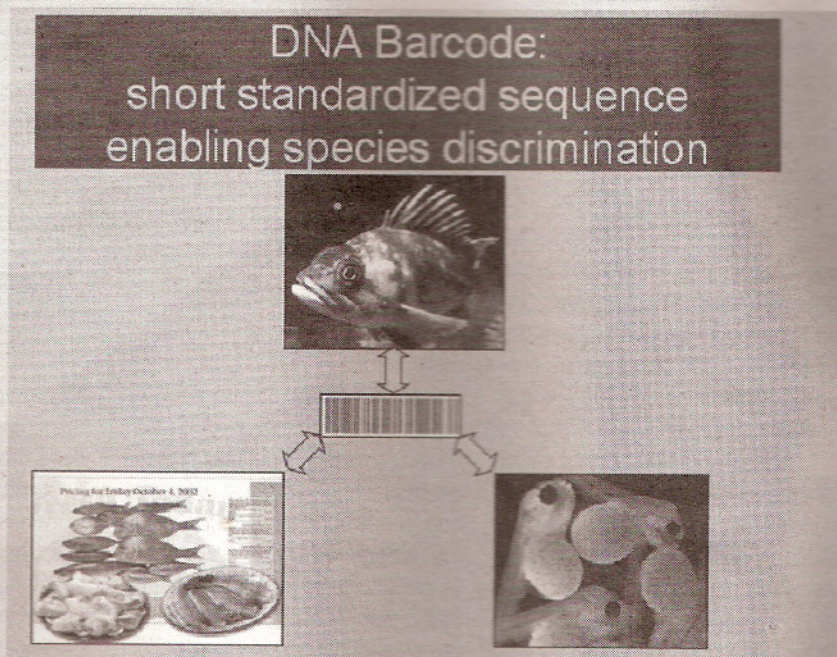
Por la importancia de sus colecciones científicas que, al menos desde hace 10 años, investigadores y alumnos han reunido para preservar con métodos que permitan la recuperación del ADN con la mejor calidad posible, y el número de especialistas en taxonomía de la biodiversidad en México, el Instituto de Biología se ubica en una inmejorable posición para participar en la propuesta de inventariar la biodiversidad del planeta a través de un código de barras, aseguró Patricia Escalante.

Esta iniciativa –creada por Paul Hebert, de la Universidad de Ontario, Canadá– podría generar recursos para completar el catálogo de la biodiversidad, la conservación de las colecciones y el gran sistema informático, y, al mismo tiempo, dar respuesta a muchas preguntas evolutivas, se dijo tras una breve visita realizada recientemente por el investigador estadounidense al instituto, donde ofreció el seminario El Código de Barras del ADN y la Biodiversidad.

La propuesta de dicho código de barras (BOL, por sus siglas en inglés) consiste en utilizar el fragmento inicial del gen mitocondrial COI (citromo c oxidasa subunidad I), ampliamente distribuido en los filamentos del reino animal y en mitocondrias de otros organismos como hongos, algas y plantas vasculares, para desarrollar un sistema de identificación digital a nivel de especie.

Las mitocondrias se encuentran en grandes cantidades en las células de casi cualquier tejido y es fácil trabajar con este genoma; además sus tasas de evolución son adecuadas para encontrar variación diagnóstica al nivel de especie. Las pruebas hechas hasta el momento en diferentes grupos demuestran que este fragmento –de aproximadamente 650

La biodiversidad en un código de barras



pares de bases–, puede ser útil y suficiente para proveer un código de cuatro letras e innumerables combinaciones para lograr la identificación de 99 por ciento de las especies. Aun cuando grupos de especies jóvenes no se diagnosticaran, al menos se podría llegar a la definición de familia, género, y hasta el grupo de especies emparentadas a la cual pertenece la muestra.

“Los taxónomos han hecho un trabajo magnífico al describir las especies, sin embargo el problema es que en 250 años de desarrollo de esta disciplina solamente se han logrado describir un millón y medio de especies, aunque como la estimación de su número total en el planeta es de entre 10 y cien millones, la tarea tiene que ser acelerada, sobre todo porque muchas de ellas están desapareciendo y la gente no puede conservar lo que no conoce”, su-

brayó Hebert ante científicos de la dependencia universitaria.

Parte del proyecto BOL consiste en el desarrollo de un aparato portátil para determinar la secuencia COI de cualquier muestra, y en unos minutos o segundos obtener el resultado a través de ésta y la consulta a una base de datos por Internet de todas las especies. Este aparato parece surgido de un sueño, pues los secuenciadores automáticos actuales cuestan decenas o centenas de miles de dólares; sin embargo, es posible desarrollarlo, “es un equivalente al GPS y si lo queremos, en cinco años podremos conseguirlo” gracias a la nanotecnología.

Una de las consecuencias más prometedoras de este proyecto es el acceso a la determinación taxonómica, que se facilitaría enor-



memente para los que manejan los recursos naturales (comercio de flora y fauna y control de plagas y restauración ambiental por ejemplo), para aquellos que no son expertos en el grupo pero que requieren determinaciones, y para los alumnos curiosos acerca de la naturaleza, pues con sólo tocar la piel por ejemplo de una rana con un pequeño papel, y meterla al DNA sequencer hand held devise, se tendría acceso al nombre científico y de allí a toda la información disponible en la red.

Este proyecto no sería posible sin la participación de la comunidad taxonómica y sistemática mundial, en la construcción de la biblioteca de referencia con la información de todas las especies posibles. Para el desarrollo de esta gigantesca base de datos, Canadá hace ya importantes inversiones de investigación y, además, proporcionará una parte sustancial del financiamiento.

Se han desarrollado más de 15 talleres en tres años para definir la metodología, los participantes, los listados base, e innumerables detalles. Asimismo, se formó un Consorcio para el Código de Barras de la Vida, en Washington, DC. Hasta el momento existen cinco campañas especiales: por grupo taxonómico en especialidades/grupos donde hay más expertos y se pueden obtener resultados más rápidamente, como Mariposas, Aves y Peces, y otras dos regionales,

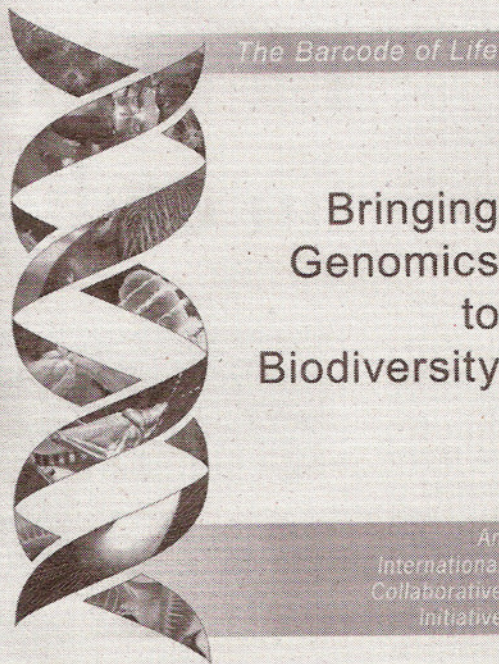
una para Canadá y otra para el Ecosistema Polar.

A final de año los botánicos líderes del proyecto decidirán el marcador que puede funcionar mejor en un mayor número de grupos. Igualmente, se puso ya en marcha el sistema BOLD para el desarrollo de las bases de datos, identificación y toda la información del proyecto.

El Instituto de Biología se unió a este proyecto desde hace dos años, y sus especialistas consideran ya usar la forma de introducir la llamada secuenciación en sus grupos y proyec-

tos de investigación, en particular en helmintos, aves, mamíferos, orquídeas, crasuláceas y pinos.

Sumará esfuerzos con otras instituciones que también estén interesadas, y que sus taxónomos o biólogos cuenten con material para contribuir a este proyecto. Actualmente se tiene la participación decidida de tres investigadores de El Colegio de la Frontera Sur, en Chetumal, así como el interés de otros del Instituto de Ecología, del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste y del Instituto Politécnico Nacional.



The Barcode of Life

Bringing Genomics to Biodiversity

An International Collaborative Initiative

Vivimos un tiempo muy emocionante en este campo científico, se dijo. La sistemática es un punto clave, un parteaguas, una gran cantidad de información estará disponible para su análisis. El trabajo sistemático de la determinación de grupos y sus relaciones de parentesco no va a variar, sólo se va a estimular; lo que sí va a cambiar será la herramienta para la diagnosis, una nueva diagnosis molecular conectada al ejemplo, su foto, sus datos, es algo que no tiene Genebank porque muchos estudios genéticos no preservan los ejemplares base y se pierde la conexión.

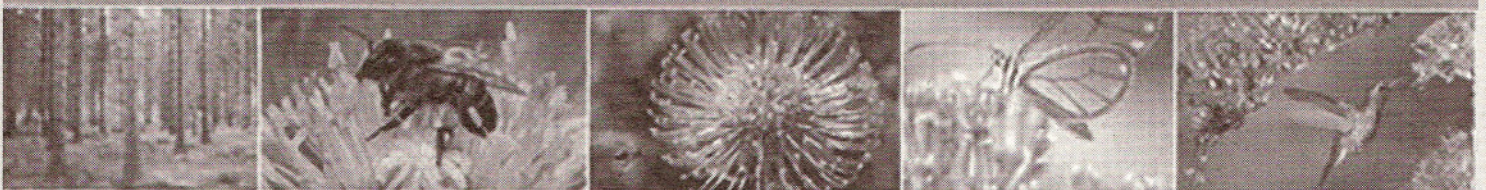
Esta iniciativa, aseguró Patricia Escalante, se conjuga bien con el proyecto interdisciplinario SIBA (Sistema de Informática para la Biodiversidad y el Ambiente) que el Instituto de Biología conduce con apoyo del programa IMPULSA, ya que se cuenta en línea con aproximadamente 200 mil registros de las colecciones botánicas y zoológicas y está a punto de lanzarse un portal de imágenes, lo que facilitará conectarse al sistema del Código de Barras de la Vida.

La especialista, quien participa en la iniciativa para construir la parte de las aves, le mostró a su homólogo Paul Herbert las colecciones más importantes del instituto para esta iniciativa, sus laboratorios y Unidad de Informática. *g*

CON INFORMACIÓN DEL INSTITUTO DE BIOLOGÍA

BARCODE OF LIFE DATA SYSTEMS

Advancing species identification and discovery through the analysis of short, standardized gene regions



Published Projects | Taxonomy Browser | Request an Account | Identify Specimen | Introductory Tutorial