

2015-07-01

## Códigos de barras para el ADN: la herramienta que escanea la naturaleza

Lina Tarazona

*Universidad de La Salle, Bogotá, ltarazona13@unisalle.edu.co*

Juan Diego Duque

*Universidad de La Salle, Bogotá, jduque00@unisalle.edu.co*

Follow this and additional works at: <https://ciencia.lasalle.edu.co/bi>

---

### Citación recomendada

Tarazona, Lina and Duque, Juan Diego (2015) "Códigos de barras para el ADN: la herramienta que escanea la naturaleza," *Biodiversidad Colombia*: No. 6 , Article 5.

Disponible en:

This Artículo de Divulgación is brought to you for free and open access by the Revistas descontinuadas at Ciencia Unisalle. It has been accepted for inclusion in Biodiversidad Colombia by an authorized editor of Ciencia Unisalle. For more information, please contact [ciencia@lasalle.edu.co](mailto:ciencia@lasalle.edu.co).

Lina Tarazona  
*Estudiante de Biología*  
*Universidad de La Salle, Colombia*  
ltrazona13@unisalle.edu.co

Juan Diego Duque  
*Estudiante de Biología*  
*Universidad de La Salle, Colombia*  
jduque00@unisalle.edu.co

5

902716

728209



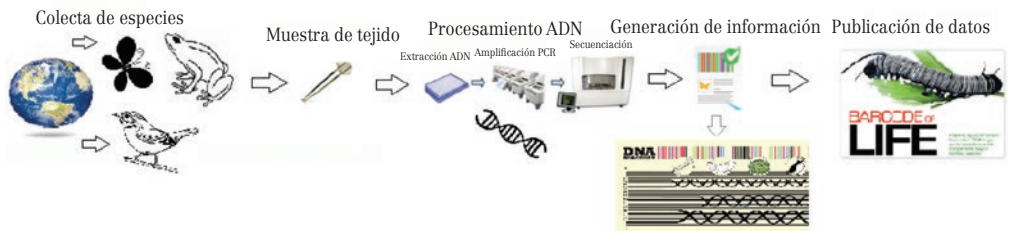
### **CÓDIGOS DE BARRAS PARA EL ADN: LA HERRAMIENTA QUE ESCANEA LA NATURALEZA**

**E**n los almacenes de cadena, los diferentes productos son identificados mediante un código de barras que permite el acceso a una base de datos que contiene toda su información. De forma análoga, en la actualidad existen herramientas moleculares que nos permiten identificar a las miles de especies biológicas del planeta.

Algunas de las herramientas moleculares más utilizadas son: reacción en cadena de la polimerasa (PCR, del inglés *Polymerase Chain Reaction*), secuenciación de ácidos nucleicos y amplificación aleatoria de ADN polimórfico (RAPD, del inglés *Random Amplified Polymorphic DNA*).

Las herramientas moleculares son un conjunto de técnicas que permiten conocer pequeñas fracciones de un gen en una población, al aislar, manipular y caracterizar los componentes moleculares de células y organismos; de esta manera, nos ofrecen la información necesaria para conocer y distinguir las especies, es decir, para identificarlas correcta y completamente.

A finales del siglo XX, las herramientas moleculares tomaron fuerza dentro del mundo científico para facilitar la identificación de los seres vivos (Baker y Palumbi, 1994; DeSalle y Birstein, 1996). En el año 2003, Paul D. N. Hebert, científico director de The International Barcode of Life, y su grupo de trabajo propusieron la creación de un catálogo mundial de biodiversidad; de este modo, surgió el proyecto internacional BarCode of Life. Este utiliza una metodología conocida como *barcoding*, la cual busca facilitar el reconocimiento y la identificación de especies mediante el uso de secuencias cortas del genoma, denominadas *códigos de barras de ADN* (Hebert *et al.*, 2003). Esta metodología ha sido ampliamente utilizada en los últimos años (figura 1).



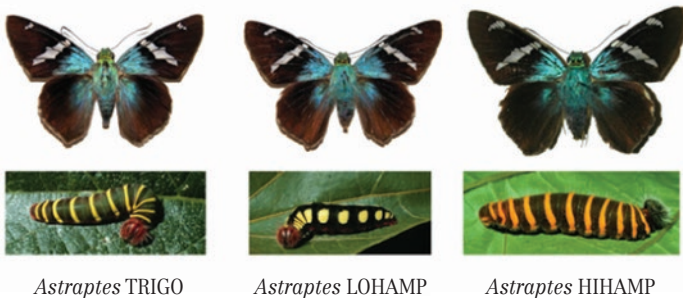
**Figura 1.** Metodología *barcoding*. Al momento de coleccionar la especie y tener la información pertinente sobre el lugar de colecta, se toma una muestra de tejido que será procesado (amplificación y secuenciación del gen); al tener la secuencia, se generará la información de la especie y se creará el código de barras que ingresará a la base de datos Barcode of Life BarCode, para el uso libre de los demás investigadores

Fuente: adaptado de Barcode of Life (s. f.).

## CÓMO SE APLICA

Un ejemplo de la utilidad del *barcoding* es la diferenciación de especies hermanas. En 1942, Ernst Mayr introdujo la expresión *especies hermanas* —actualmente se conoce como *especies crípticas*— para referirse a aquellas especies que son extremadamente parecidas en su morfología, fisiología y comportamiento al punto de llegar a ser indistinguibles, pero que al mismo tiempo se encuentran aisladas reproductivamente como resultado de su diferenciación genética. Un claro ejemplo de especies crípticas es un grupo de mariposas que fueron inicialmente descritas como *Astraptes fulgerator* (figura 2). Esto sucede porque los adultos de las diferentes especies son demasiado similares, pero al analizar en detalle la fase larvaria de cada una, podríamos reconocer al menos diez especies con diferentes patrones de coloración (Hebert *et al.*, 2004, Sáez, 2009; Sáez y Lozano, 2005). Para reconocer si realmente se trata de una sola especie o de varias, podríamos aislar el ADN y analizar sus secuencias.

Se conoce como *aislamiento reproductivo* el fenómeno que se genera cuando poblaciones de una misma especie están separadas principalmente por barreras geográficas, como ríos y montañas, y a largo tiempo se producen nuevas especies. Este fenómeno genera que estas no puedan reproducirse entre sí o generar una descendencia viable. Los mecanismos de aislamiento reproductivo pueden ser de dos tipos: precopulatorios, si no hacen posible el acoplamiento sexual, y poscopulatorios, si permiten ese acoplamiento, pero no hace posible o reduce la viabilidad o fertilidad del híbrido.

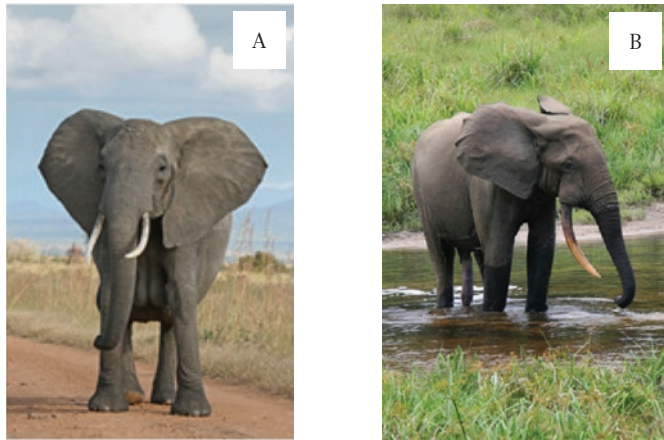


**Figura 2.** Variación morfológica en adultos y orugas del género *Astraptes*. a) *Astraptes trigo*, b) *Astraptes lohamp* y c) *Astraptes hihamp*

Fuente: adaptado de Sáez (2009).

Otro ejemplo de especies crípticas se observa en el elefante africano de la sabana (*Loxodonta africana*) (figura 3a) y el elefante de bosque africano (*Loxodonta cyclotis*) (figura 3b). Hasta hace poco tiempo, se

creía que estos elefantes pertenecían a una misma especie con diferencias en el tamaño; sin embargo, gracias a estudios genéticos, se logró demostrar que existen dos especies distantes evolutivamente (Rohland *et al.*, 2010).



**Figura 3.** Especies crípticas de elefantes: a) elefante de la sabana africana y b) elefante de bosque africano

Fuente: imagen A) <http://www.flickr.com/photos/nickandmel/419810995/in/set-72157600005104260/> Imagen B) Peter H. Wrege - Own work. Licensed under CC BY-SA 3.0 via Commons - [https://commons.wikimedia.org/wiki/File:African\\_Forest\\_Elephant.jpg#/media/File:African\\_Forest\\_Elephant.jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:African_Forest_Elephant.jpg#/media/File:African_Forest_Elephant.jpg)

### **POLIMORFISMO (GENÉTICA)**

...

Variación en la secuencia genética de un gen en una población.

Para comprender cómo sería un polimorfismo podríamos imaginar que la secuencia de ADN estuviera compuesta por las letras que forman la siguiente frase:

EL GATO ESTA EN EL SOMBRERO

Una secuencia polimórfica sería:

EL PATO ESTA EN EL SOMBRERO

Las clasificaciones tradicionales basadas únicamente en características morfológicas pueden ser erróneas, incompletas o imprecisas debido a la existencia de especies crípticas o simplemente por falta de información taxonómica. El auge de herramientas moleculares ha permitido encontrar diferencias en la composición genética entre poblaciones de individuos que no necesariamente conllevan diferencias morfológicas, lo que ha generado un aumento en el número de especies crípticas y cambios en la clasificación taxonómica de diferentes grupos de organismos identificados en los últimos años.

En la actualidad, como hemos visto, existen diferentes métodos o técnicas que facilitan este conocimiento,

los cuales se distinguen por la capacidad que tienen de encontrar diferencias —polimorfismos— en la secuencia de un gen (Rentaría, 2007).

Lo anterior nos lleva de nuevo a la metodología *barcoding*, que utiliza un código de barras molecular que se obtiene de un fragmento del gen mitocondrial citocromo oxidasa subunidad I (COI), gen presente en más del 95% de las especies descritas hasta el momento (Hebert *et al.*, 2003).

## EN COLOMBIA

A pesar de que Colombia posee una alta biodiversidad, son muy pocas las investigaciones realizadas mediante el uso de la metodología *barcoding*; una de estas fue realizada en los Andes tropicales, en la cual se logró diferenciar una especie nueva de mariposas dentro del género *Adelpha* (figura 4) (Willmott y Hall, 2013).



**Figura 4.** Ejemplar perteneciente al género *Adelpha*

*Fuente:* “*Adelpha cytherea* MHNT dos” por Didier Descouens: Travail personnel. Sous licence CC BY-SA 4.0 via Wikimedia Commons. [https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Adelpha\\_cytherea\\_MHNT\\_dos.jpg#/media/File:Adelpha\\_cytherea\\_MHNT\\_dos.jpg](https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Adelpha_cytherea_MHNT_dos.jpg#/media/File:Adelpha_cytherea_MHNT_dos.jpg)

Se estima que en el planeta existen entre 10 y 50 millones de especies biológicas y menos de 2 millones de estas han sido identifica-

das (Ratnasingham y Hebert, 2007). Además, la tasa de extinción ha aumentado de una especie por millón a unas mil especies por millón (Hebert *et al.*, 2004), lo que hace que el uso de herramientas moleculares como *barcoding* tenga un papel importante en la identificación rápida de seres vivos en la actualidad (Hebert *et al.*, 2003).

La tasa de deforestación en Colombia ha alcanzado niveles alarmantes, al punto que ha llegado a superar las 5 millones de hectáreas en los últimos 20 años (González *et al.*, 2011). Aunque existen alrededor de 12 millones de hectáreas protegidas mediante la distinción de Parques Nacionales Naturales —por medio del Decreto 3572 de 2011—, esta cifra solo corresponde al 12% del territorio nacional. En ausencia de políticas claras para la protección de los recursos naturales en el resto del territorio, Colombia está expuesta a la sobreexplotación y pérdida acelerada de su biodiversidad. En los últimos años, la comunidad científica nacional se ha unido a la iniciativa de otros países frente al proyecto BarCode of Life, en busca del fortalecimiento de la base del conocimiento de su biodiversidad, que le permita conservarla y aprovecharla de manera responsable y sustentable.

## REFERENCIAS

- Baker, C. y Palumbi, R. (1994). Which whales are hunted a molecular genetic approach to monitoring whaling. *Science*, 265, 1538-1539
- Barcode of Life. (s. f.). *What is DNA barcoding?* Recuperado de <http://www.barcodeoflife.org/content/about/what-dna-barcoding>
- DeSalle, R. y Birtsein, V. J. (1996). PCR identification of black caviar. *Nature*, 381, 197-198.
- González, J. J. *et al.* (2011). *Análisis de tendencias y patrones espaciales de deforestación en Colombia*. Bogotá: Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales (IDEAM).
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L. y deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B*, 270, 313-321.
- Hebert, P. D. N., Penton, E. H., Burns, J. M., Janzen, D. H. y Hallwachs, W. (2004). Ten species in one: DNA barcoding reveals cryptic species in the neotropical skipper butterfly *Astrapes fulgerator*. *Proceedings of*

*the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(41), 14812-14817.

- Ratnasingham, S. y Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The barcode of life data system. *Molecular Ecology Notes*, 7, 355-364.
- Rentaría, M. (2007). Breve revisión de los marcadores moleculares. En L. Eguiarte y X. Aguirre (Comps.), *Ecología molecular* (541-562). México: Secretaría de Medio Ambiente y Recursos, Instituto Nacional de Ecología, Universidad Autónoma de México y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Rohland, N. et al. (2010). Genomic DNA sequences from mastodon and woolly mammoth reveal deep speciation of forest and savanna elephants. *PLoS Biology*, 8(12).
- Sáez, A. G. (2009). Genes y especies. *Ecosistemas*, 18, 3-9.
- Sáez, A. G. y Lozano, E. (2005). Body doubles cryptic species: as we discover more examples of species that are morphologically indistinguishable, we need to ask why and how they exist. *Nature*, 433(7022), 111.
- Willmott, K. R. y Hall, J. P. W. (2013). A new species and two new subspecies of *Adelpha Hübner*, [1819] from the tropical Andes (Nymphalidae: lime-nitidinae). *Journal of the Lepidopterists' Society*, 67(4), 2013, 241-252.



