



EDITORIAL

LA INICIATIVA DEL CÓDIGO GENÉTICO DE BARRAS DE ADN EN ENTOMOLOGÍA

Sandra Uribe Soto MSc, PhD. Profesora Asociada, Facultad de Ciencias. Coordinadora Grupo de Investigación en Sistemática Molecular Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín.

Esta iniciativa que se presentó formalmente en la primera conferencia internacional sobre "Barcoding Life" en el año 2005, en el Museo de Historia Natural de Londres, se deriva de una propuesta de un grupo de científicos de la Universidad de Guelph, en Canadá. Este grupo propuso usar una secuencia de aproximadamente 500 pares de bases nucleotídicas del gen mitocondrial de la Citocromo Oxidasa I (COI) como un "identificador universal" para especies animales. Si bien esta propuesta ambiciosa no pareció orientar sus objetivos iniciales desde la rigurosidad de la Sistemática, la participación de taxónomos y sistemáticos de todas partes del mundo y los avances en diferentes grupos de organismos, la convierten a la fecha en una de las estrategias más usadas y exploradas en busca del conocimiento y estudio de la diversidad.

Las personas que lideran la iniciativa del "barcoding" o código de barras la proponen como una herramienta que facilitará la tarea de identificación de especies y contribuirá sin duda a revitalizar las colecciones biológicas así como a avanzar en el inventario de la biodiversidad. La participación de investigadores de más de 50 países, que no solo obtienen las secuencias de la COI, si no también de otros genes mitocondriales y nucleares en animales, microorganismos y plantas, ha permitido el avance y

perfeccionamiento de las actividades relacionadas con esta iniciativa. Así, partiendo de una mirada crítica desde la Sistemática, en la actualidad se considera que si bien es de gran importancia el conocimiento de las secuencias diagnósticas de los organismos, la construcción de las bases de datos y el acceso al público menos especializado, un proyecto como este no puede prescindir de la taxonomía clásica ni reemplazarla, y por el contrario, la participación de especialistas y museos es definitiva para el éxito de la iniciativa código de barras y en particular en lo que se refiere a la acertada identificación de las especies y a la estructuración de las colecciones de referencia que corresponden a cada secuencia.

Es claro que el código de barras que ofrece interesantes aplicaciones en el estudio de los insectos, aparece como una herramienta con sus propias limitaciones y que su relevancia en el apoyo a la delimitación y reconocimiento de especies, dependerá de aspectos particulares de cada grupo estudiado. En el campo de la biomedicina y en lo que respecta a patógenos, parásitos y vectores, el código genético de barras ha sido ampliamente validado y utilizado. De la misma forma su utilidad ha sido probada en los inventarios rápidos de biodiversidad, en estudios de impacto ambiental, la detección de tráfico de especies y en especial las que se encuentran en vía de extinción y en la identificación de algunas especies plaga y sus parasitoides, así como en el caso de las especies invasoras.

La metodología para obtener la secuencia código ha sido ampliamente

estandarizada y optimizada, y utilizando un par de oligonucleótidos universalmente diseñados para tal fin (con pequeñas modificaciones para algunos casos), es posible amplificar el fragmento usado mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Finalmente, se obtienen las secuencias que serán analizadas con diversas herramientas bioinformáticas de acuerdo al objetivo del estudio y que deberán poder interrelacionarse con cada espécimen depositado en un museo y cuya identificación corresponde a la realizada por un especialista. Así, las secuencias de los organismos que en un futuro serán "multicódigo de barras" al incluir además o en remplazo de la COI una secuencia nuclear o cloroplastídica (en el caso de las plantas y otros organismos) permiten de cierta manera usar los nucleótidos como un descriptor universal de diversidad.

El análisis inicial y más simple de las secuencias de ADN en el código de barras incluye métodos de distancia genética. Con base en las secuencias obtenidas para grupos particulares de organismos se ha podido avanzar en la obtención de estimativos de los valores máximos de variación intraespecífica que facilitan la asignación de individuos a diferentes grupos con base en valores de divergencia genética. No obstante y desde la perspectiva de la taxonomía integrada, que implica el uso de diferentes tipos de caracteres para descubrir, delimitar y realizar identificación de las especies, el análisis de caracteres en forma de secuencias de esta iniciativa debe y puede incluir criterios de parsimonia. Así mismo, el debate actual en Sistemática que incluye a esta

iniciativa trasciende las consideraciones para decidir usar ADN o morfología y señala la necesidad de considerar las descripciones basadas en un solo carácter en comparación con aquellas basadas en sistemas de múltiples caracteres.

En el caso de aspectos como la delimitación de especies, uno de los aclamados usos del código de barras, es claro que ésta constituye un problema sistemático complejo que requiere no solo de la identificación de grupos de individuos con secuencias de ADN similares, sino que presupone la evaluación de numerosos caracteres moleculares, morfológicos y biológicos y la aplicación de un concepto de especie. En este caso es claro que la iniciativa no persigue propiamente delimitar especies y está más bien orientada a la identificación de organismos y grupos de organismos. En este caso, igual que cuando se usan criterios morfológicos, aspectos como el muestreo o el acceso a los especímenes de museo son críticos y deben reflejar de la mejor forma posible la variación geográfica y local de la especie de interés.

Es importante considerar que una cosa es la iniciativa como tal y otra los usos potenciales de la información obtenida gracias a ella, lo cual hace que sus máximas aplicaciones en áreas como la taxonomía, la conservación o la ecología, dependan en parte de las personas y especialidades que accedan a ella. Para la Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, el Museo Entomológico Francisco Luis Gallego, constituye un enorme patrimonio en términos de la diversidad entomológica y ésta herramienta con asiento y laboratorio en los grandes Museos Entomológicos del mundo, permitirá sin duda potencializar la información depositada en nuestras colecciones, en especial ahora que se dispone de métodos no destructivos de extracción de ADN que permiten recobrar con éxito ADN de especímenes de gran antigüedad.

Preguntas concretas y problemas entomológicos concretos abordados desde la visión integrada, representan sin duda un aspecto de posible abordaje desde ésta moderna y compleja metodología que se encuentra hoy al alcance de todos.

