

¿Qué bicho es?

Pablo Luis Tubaro

Museo Argentino de Ciencias Naturales
Bernardino Rivadavia

Juan Martín Díaz de Astarloa

Universidad Nacional de Mar del Plata e
Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo
Pesquero



Recientes avances en las tecnologías derivadas del conocimiento del ADN y la bioinformática han posibilitado el uso de una secuencia corta de una porción estandarizada del genoma como códigos de barras genéticos que ayude en la identificación y descubrimiento de nuevas especies.

¿Qué bicho es? constituye una pregunta fundamental de la biología que se formulan por igual tanto legos como científicos. El nombre de la especie (su nombre científico, para ser más exactos) es la llave con la cual accedemos al conocimiento acumulado sobre esa clase de organismo durante los últimos doscientos cincuenta años de ciencia moderna y de esta manera podemos saber si es peligroso, comestible, transmite enfermedades, es una especie nativa o exótica, está en peligro de extinción, etcétera.

Conocer el nombre de una especie es, sin embargo, algo bastante difícil en la práctica por varias razones. En primer lugar existe un gran número de formas en la naturaleza, aproximadamente 1.700.000, que han sido descritas formalmente por los científicos pero se estima que el número real superaría los 10 millones. Para identificarlas, los taxónomos deben conocer sus características diagnósticas y cada uno de ellos generalmente es

experto en un número limitado de especies pertenecientes a un determinado grupo. Existen además pocos taxónomos bien entrenados y capacitados en el mundo, especialmente en los países periféricos que son los que más biodiversidad tienen. En segundo lugar, la mayoría de las especies sólo pueden ser identificadas en el estado adulto por lo que es probable que durante gran parte de su ciclo de vida no puedan ser identificadas por los métodos morfológicos convencionales. Por ejemplo, solamente el 10% del ictioplancton (huevos y larvas de peces de pequeño tamaño que flotan a la deriva) puede ser identificado, incluyendo también las especies de interés comercial, y esto resta enormes posibilidades de manejo y conservación de vastos recursos naturales. Por último, como la identificación generalmente se ha basado en el uso de caracteres morfológicos, puede ocurrir que si se encuentra un fragmento de un organismo, este no tenga completas las partes necesarias para su identificación.

En definitiva, la mayor parte de la población no está en condiciones de responder a la pregunta '¿qué bicho es?' y se necesitan otros métodos que ayuden a resolver este problema. Una posibilidad es utilizar la información del ADN, ya que la secuencia de este es la misma para todos los tejidos del cuerpo durante todo el ciclo de vida de los organismos, lo que permitiría identificar a las especies tanto en estados larvarios como adultos, independientemente de su sexo e incluso a partir de fragmentos minúsculos. En 2003, el doctor Paul Hebert, de la Universidad de Guelph, Canadá, propuso la utilización de una porción de 648 pares de bases del gen mitocondrial de la citocromo coxidasa subunidad I (o COI o Cox 1, como también se lo conoce en la jerga genética) como un código de barras genético para la identificación de especies debido a que su variación intraespecífica es pequeña en comparación con su variación interespecífica. Para que el sistema de identificación genética de especies pueda utilizarse, primero debe construirse una gran base de datos con las secuencias de referencia contra las que puedan compararse las secuencias incógnitas. Una particularidad de este sistema es que las secuencias patrón deben ser obtenidas de ejemplares testigos (*vouchers*, en inglés) depositados en colecciones permanentes, de manera que su identidad pueda ser determinada de manera inequívoca todas las veces que sea necesario mediante las prácticas taxonómicas tradicionales.

EL ABBI

Las aves, con sus 10.000 especies reconocidas, constituyen el grupo de organismos cuya taxonomía es la mejor conocida de todo el reino animal. En consecuencia, estas son ideales para evaluar la eficiencia del sistema de códigos de barras genéticos para la identificación de

especies. Hasta el momento se han analizado en el mundo más de 12.000 ejemplares pertenecientes a 2300 especies y los resultados son altamente prometedores. Por ejemplo, para las 643 especies de aves que anidan en Norteamérica, el 94% de ellas puede ser correctamente identificado. En el restante 6% de los casos es posible llegar hasta el género, y en un 2% de las especies analizadas se ha detectado una importante estructura genética que sugiere la posibilidad de que más de una especie haya sido identificada bajo el mismo nombre.

Sin embargo, como la avifauna del Hemisferio Norte es relativamente pobre en número de especies y ha evolucionado durante los últimos dos millones de años sujeta a los efectos de los ciclos glaciares-interglaciares, es posible que la habilidad de la técnica de códigos de barras genéticos para la identificación de especies de otras regiones del mundo sea más compleja. Por ejemplo, los ciclos glaciares habrían sido responsables de la extinción de un gran número de especies cercanamente emparentadas y cuyos ADN podrían ser muy semejantes. Además, las especies sobrevivientes o de reciente especiación podrían haber sufrido cuellos de botella poblacionales que habrían incrementado el grado de diferenciación de sus ADN, facilitando la tarea de identificarlas por medio de su secuencia. Por este motivo conocer el desempeño de esta técnica en las aves de la región Neotropical (Sudamérica), que además de ser la más rica del mundo (con no menos de 4000 especies diferentes, y más de 3000 de ellas endémicas de la región) no ha sufrido los severos efectos de las oscilaciones climáticas que caracterizaron el Pleistoceno en los continentes del norte. En este contexto, la Argentina, con sus cerca de 1000 especies de aves y una diversidad de biomas que van desde la Patagonia hasta la selva subtropical y desde las zonas bajas hasta los Andes, constituye un terreno ideal para estudiar esta cuestión.

EL CONSORTIUM FOR THE BARCODE OF LIFE

La posibilidad de utilizar una porción del gen de la COI como código de barras genético ganó rápidamente aceptación durante 2003 y como resultado de ello se constituyó al año siguiente el Consortium for the Barcode of Life (CBOL), una organización de museos, universidades y laboratorios de todo el mundo cuya misión es el desarrollo de este sistema genético de identificación de especies. En la actualidad el CBOL está formado por más de ciento cincuenta organismos de cincuenta países. La Argentina está representada desde su origen por una Unidad Ejecutora del CONICET, el Museo Argentino de Ciencias Naturales

Bernardino Rivadavia (MACN). Las actividades del CBOL están coordinadas por un secretariado que funciona en el National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, y cuenta con la financiación de la Sloan Foundation de Nueva York.

El CBOL ha lanzado también dos campañas globales y dos proyectos demostradores para probar que la identificación de especies mediante el uso de la secuencia barcode es posible en el corto plazo. Entre las primeras tenemos al All Birds Barcoding Initiative (ABBI) y al Fish Barcode of Life (FishBOL), cuyos objetivos son obtener las secuencias de todas las especies de aves y

peces del mundo, respectivamente. Entre los segundos tenemos al Mosquito Barcode of Life (MBI) y al Tephritid Barcode of Life (TBI) que tienen por objetivo obtener los códigos de barras genéticos de las especies de mosquitos y las moscas tefrítidas que son de gran importancia sanitaria y económica (como plagas de cultivos), respectivamente.

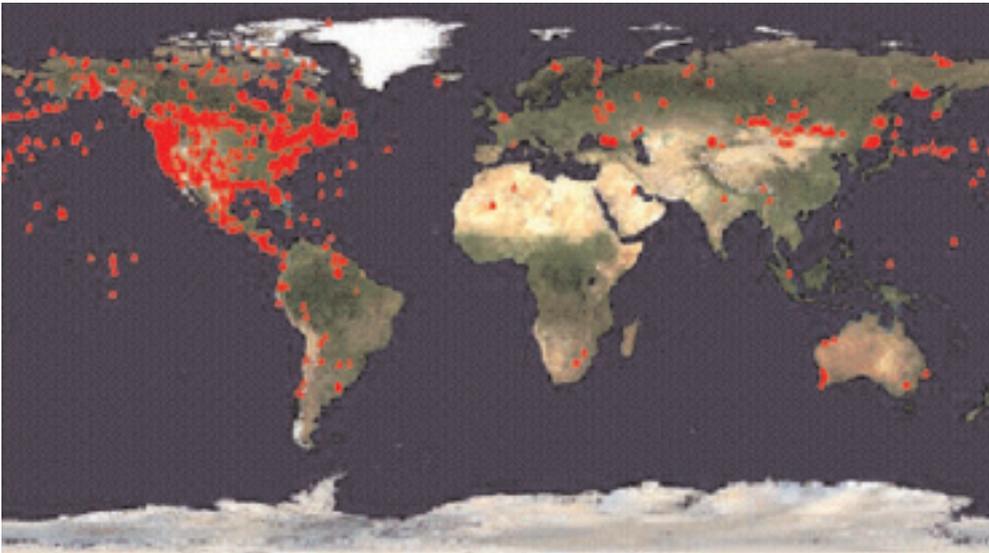
Los diferentes países que integran el consorcio, además de participar de estos proyectos globales, desarrollan sus propios proyectos locales y regionales, orientados a taxones o a localidades de interés.

Hasta el momento y luego de haber analizado más de 1594 especímenes de 500 especies de aves de la Argentina podemos concluir que los niveles de divergencia intraespecífica hallados en las secuencias COI son comparables a los de las aves de Norteamérica. En un 98% de los casos las especies pueden ser identificadas inequívocamente y en un 100% es posible identificar el género correcto. Sólo tres casos problemáticos han sido detectados hasta ahora (dos especies de patos, dos especies de dormilonas del género *Muscisaxicola* y seis especies de capuchinos del género *Sporophila*), que podrían explicarse como consecuencia de bajas tasas de evolución, introgresión genética o especiación reciente. Además, en un 3% de los casos analizados se halló un importante nivel de estructuración genética que sugiere la existencia de posibles especies crípticas o razas geográficas que merecen ser elevadas al rango de especies.

Contar con un sistema de identificación genético de aves permite también aplicaciones interesantes. Por ejemplo, las colisiones que se producen con los aviones causan anualmente cientos de millones de dólares en pérdidas a nivel mundial sea por la destrucción de equi-

pos como por los tiempos que las aeronaves deben permanecer en tierra para su reparación (sin contar la pérdidas de vidas humanas producidas por catástrofes debidas a esa causa). Hasta ahora, la identificación de las especies constituía una tarea compleja que debía realizarse a partir de plumas o pequeños fragmentos del animal que quedan adheridos al avión y por comparación con los especímenes taxidermizados de las colecciones depositadas en museos. Hoy en día ya es posible utilizar la secuencia de la COI para su identificación con mayor precisión y rapidez que utilizando las técnicas convencionales. De la misma manera, la técnica de códigos de barras genéticos brindará una herramienta poderosa para la identificación de restos colectados en estudios sanitarios (recordemos el problema de la gripe aviar y el virus del oeste del Nilo), el control del tráfico legal e ilegal de especies silvestres, e incluso mejorar las prácticas de curadoría de las colecciones científicas, donde la corroboración de la identidad específica de un órgano, tejido o fragmento anatómico difícilmente podría realizarse sino a través de su código genético.

2006. Puntos de muestreo de 3000 ejemplares pertenecientes a 750 especies.



2008. Puntos de muestreo de 12200 ejemplares pertenecientes a 2100 especies.

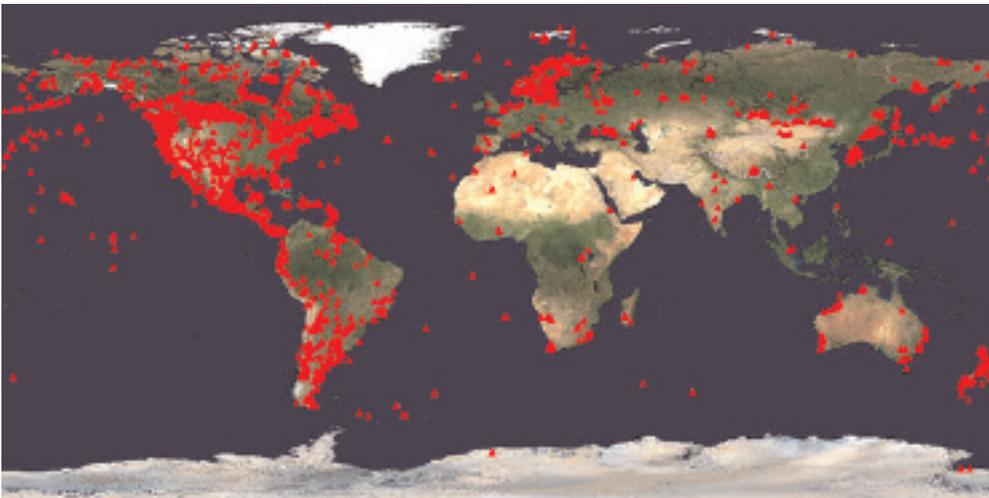


Figura 1. El proyecto de código de barras genético de las aves del mundo (ABBI) ha tenido un rápido desarrollo desde su origen en 2005. Los puntos rojos indican las localidades en las cuales se han colectado ejemplares y obtenido las secuencias de la COI que han sido depositados en el Barcode of Life Data System (BOLD). En la actualidad, la Argentina, junto con Canadá, Estados Unidos, Noruega, Corea del Sur, el Caribe, Australia y Nueva Zelanda, son los países del mundo que más han avanzado en su desarrollo, y en los últimos meses Brasil y México también han comenzado a producir un número importante de secuencias. (Mapa basado en Google Earth y cedido gentilmente por Mark Stoeckle)

EL FishBOL

Los peces, por su parte, constituyen el grupo más diverso de los vertebrados, comprendiendo poco más de la mitad de las 54.711 especies existentes identificadas. Este número es aproximado ya que continuamente se describen nuevas especies para la ciencia y el número estimado de peces hacia fines de 2006 ha sido de 28.400, por lo que se piensa, en una proyección conservativa, en unas 32.500 especies actuales. De estas, aproximadamente 21.000 son marinas y el resto de agua dulce.

Históricamente, los métodos de identificación y clasificación de peces han sido basados principalmente en características morfológicas visibles. Los trabajos taxonómicos modernos incluyen, además, características de la anatomía interna (esqueleto, musculatura), fisiológicas, de comportamiento, genéticas, biogeográficas, entre otras. Los rasgos morfológicos constituyen siempre la piedra angular de los tratamientos taxonómicos existentes. Sin embargo, existen limitaciones al uso extendido de las características diagnósticas externas para discriminar especies. La descripción de nuevas especies para la ciencia, en la mayoría de los casos, se fundamenta en variaciones morfológicas encontradas en individuos que se sospecha pertenecen a distintas entidades específicas.

El uso de técnicas moleculares aplicado a la taxonomía es relativamente reciente: aproximadamente hace cuarenta años las técnicas electroforéticas en proteínas eran de aplicación extendida, luego fueron más comunes los análisis secuenciales de ADN ribosómico, y más actual es el uso de fracciones de ADN mitocondrial. Los códigos de barras genéticos se utilizan como una herramienta complementaria a la taxonomía tradicional para la identificación y el descubrimiento de nuevas especies de peces, y no deben ser considerados de ninguna manera como una panacea que suprime otras herramientas. El FishBOL tiene como objetivo elaborar una red electrónica mundial de base datos que incluye un código de barras específico,

basado en la secuenciación génica de la COI, imágenes digitalizadas de especímenes de referencia y coordenadas geográficas de los ejemplares examinados. La base de datos, a su vez, relaciona información sobre especímenes de referencia, aspectos de nomenclatura y rangos de distribución provista por taxónomos expertos, historias de vida y referencias bibliográficas de cada especie.

Hasta la fecha hay unos 28.500 ejemplares de peces pertenecientes a 4500 especies diferentes cuyos códigos de barras genéticos han sido obtenidos. Los análisis aplicados en diferentes partes del mundo han sido ampliamente exitosos. De 211 especies utilizadas en Australia, 207 pudieron ser identificada correctamente. Las 4 restantes pudieron ser asignadas a especies congénicas, y la no discriminación específica probablemente podría ser debida a degradación del ADN mitocondrial.

En la Argentina hasta el presente han sido codificadas 87 especies de peces marinos con 326 ejemplares secuenciados. Todos los ejemplares utilizados pudieron ser discriminados específicamente y los resultados encontrados han sido promisorios. Por ejemplo, pudo identificarse una posible nueva especie de raya (*Dipturus argentinensis*), cuyo código de barras genético es único e inequívocamente diferente de sus otras dos especies congénicas que también habitan aguas argentinas. Las rayas (familia *Rajidae*) son un grupo de peces cartilaginosos que forma parte importante de la fauna acompañante en la pesca de arrastre de fondo, que es la de mayor desarrollo en el país. Generalmente son descartados y arrojados al mar, ya moribundos o dañados, aunque la captura de las rayas con fines comerciales ha aumentado notablemente y actualmente se han transformado en especies blanco de varias pesquerías. La causa principal es la disminución de otros recursos tradicionales, como la merluza. Debido a que las rayas son especies de crecimiento lento, gestación prolongada y baja fecundidad, si no se efectúa una pesca sustentable y responsable el peligro de sobreexplotación es muy alto.

EL CÓDIGO DE BARRAS GENÉTICO DE LAS AVES DE LA ARGENTINA Y LA COLECCIÓN NACIONAL DE ORNITOLOGÍA

Las colecciones nacionales de fauna, flora y gea se encuentran depositadas en el MACN, una unidad del CONICET. Entre ellas, la Colección Nacional de Ornitología con sus 70.000 ejemplares es la más completa del Cono Sur de Sudamérica. Sin embargo, no existían en la Argentina colecciones de tejidos con sus respectivos ejemplares testigo que pudieran ser utilizados para el proyecto de códigos de barras genéticos. Por lo tanto, el primer paso fue crear una colección de tejidos congelados de la cual pudiera obtenerse ADN de alta calidad para los estudios de secuenciación, y para ello fue necesario también realizar nuevos muestreos de las aves del país haciendo en apenas dos o tres años lo que a otros países les

ha llevado entre dos y tres décadas. Para lograrlo se estableció una colaboración a fines de 2005 entre la División del Ornitología del MACN y el Biodiversity Institute of Ontario, Canadá. Además, se realizaron un gran número de expediciones en colaboración con museos y otras instituciones de Estados Unidos y Canadá, y se obtuvieron fondos de la Richard Lounsbery Foundation (Estados Unidos) para el entrenamiento de doctorandos argentinos en Canadá, el financiamiento del trabajo de campo y la creación de un laboratorio dedicado a la obtención de los códigos de barras genéticos en el MACN.

EL CÓDIGO DE BARRAS GENÉTICO DE LOS PECES DE LA ARGENTINA



En la Argentina, el proyecto de FishBOL fue iniciado en 2006 y en una primera etapa se comenzó a trabajar con los peces marinos, especialmente aquellos de interés comercial o que pudieran aparecer como fauna acompañante de las especies objetivo y de interés pesquero en cruceros comerciales o de investigación pesquera. Como fue mencionado para el proyecto de aves (ABBI), en el caso de los peces también se tuvo que volver a muestrear a campo para la colecta de tejidos aptos para estudios moleculares. Las colecciones ictiológicas nacionales más importantes (por ejemplo, MACN, Museo de La Plata, Instituto Nacional de Investigación y Desarrollo Pesquero, entre otras), en cuanto al número de lotes y diversidad de especies, no contaban con colecciones de tejidos con sus correspondientes ejemplares de referencia que pudieran utilizarse para el proyecto. Es necesario mencionar que los ejemplares preservados en colecciones ictiológicas son fijados en una solución formol y posteriormente traspasados a alcohol etílico, lo que los hace inutilizables para estudios moleculares, ya que el formol degrada el ADN mitocondrial. Actualmente las muestras son obtenidas de los cruceros de investigación pesquera que regularmente desarrolla el INIDEP, a través de sus barcos de investigación pesquera *Dr. Eduardo L. Holmberg* y *Capitán Oca Balda*, en áreas costeras (ver *CIENCIA HOY*, N° 97) y de plataforma del Mar Argentino y Zona Común de Pesca Argentina-Uruguaya.

Figura 2. Código de barras genético de los peces del mundo (FishBOL) en la Argentina. Los puntos en color indican las estaciones de pesca de diferentes campañas de investigación pesquera desarrolladas por los barcos del INIDEP *Dr. Eduardo L. Holmberg* y *Capitán Oca Balda* en las cuales se han obtenido las muestras de peces que han sido secuenciadas.

El conocimiento del número de especies y dónde se distribuyen puede ser de gran utilidad en el momento de adoptar criterios de manejo, y el código de barras genético puede ser una herramienta útil para facilitar esta tarea.

La aplicación del código de barras en especies de interés comercial es de vital importancia. Por ejemplo, en una lista de especies nominales del catálogo FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación), el abadejo liso (*Genypterus brasiliensis*) fue considerado como sinónimo junior del abadejo manchado (*Genypterus blacodes*), es decir, la misma especie. Sin embargo, la secuencia del COI permitió diferenciar genéticamente a las dos especies nominales, corroborando estudios de la morfología externa y osteológica previos que habían sido desestimados. Estos resultados son de gran importancia cuando se establecen pautas y cotos de captura de especies comerciales. No es lo mismo el manejo pesquero de una sola especie que de dos con características ecológicas y de abundancia diferentes.

El uso del código de barras genético como herramienta científica brinda otras aplicaciones de gran interés. Para la protección de especies amenazadas, puede ser utilizado en mercados y puertos de entrada para identificar productos pesqueros que derivan de especies protegidas. El floreciente y en gran parte no regulado comercio de aletas de tiburón representa una de las más serias amenazas para las poblaciones de tiburones en todo el mundo. Las aletas se comer-

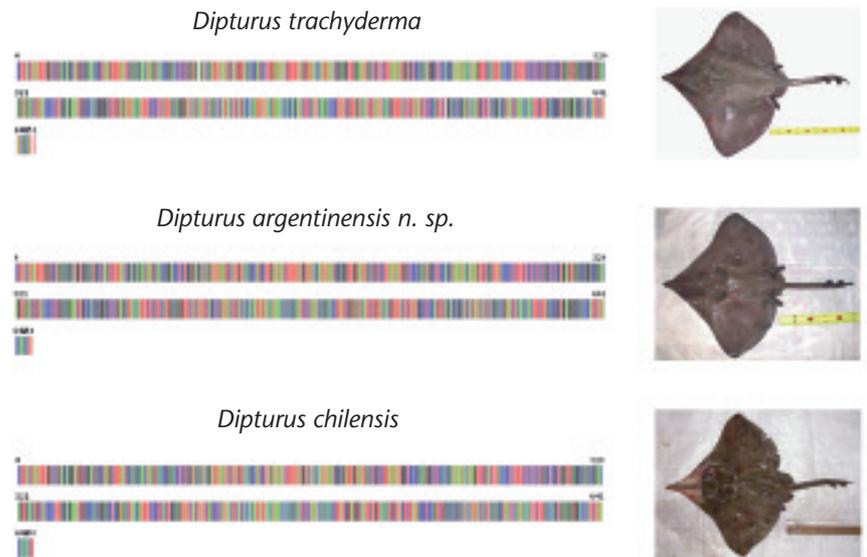


Figura 3. Códigos de barras genéticos de tres especies de rayas del género *Dipturus* del Mar Argentino. Las barras de color ilustran la secuencia de nucleótidos del gen COI.

cializan en Hong Kong a razón de 6000 a 8000 dólares estadounidenses el kilogramo. Como herramienta en el estudio y manejo de los recursos pesqueros, el uso del código de barras genético permite identificar partes de peces difícilmente identificables por métodos tradicionales. En el asesoramiento a las instituciones reguladoras brinda una poderosa herramienta para monitorear cuánto de cada especie es usada como producto procesado, como filetes, aletas, etcétera, permitiendo un mayor control para identificar y combatir la pesca ilegal. En la costa oeste de Estados Unidos se

Predomina en la sistemática biológica un programa de investigación donde el nivel molecular recibe mucha más atención que el organísmico. Este pensamiento hegemónico produce un estado de conformidad con la consiguiente ausencia de crítica y, al mismo tiempo, restringe la legitimación de los problemas y métodos y establece las prioridades de investigación, las oportunidades de trabajo, y la organización de instituciones.

La sistemática biológica es la disciplina científica que describe, nombra y clasifica la diversidad de la vida y sus relaciones, y a sus 3500 millones de años de historia. Por otro lado, la sistemática biológica es el principio organizador de nuestro conocimiento sobre la vida y, como tal, fundamenta las hipótesis explicativas y las leyes científicas de la biología. Es una disciplina multidimensional que incluye las siguientes actividades: colección, descripción de especies, monografías y revisiones, floras y faunas, inventarios, reglas de nomenclatura, clasificaciones jerárquicas y reconstrucciones filogenéticas. Todas estas actividades, con la excepción de las reconstrucciones filogenéticas, caen bajo la subdisciplina denominada *taxonomía*.

Más allá de la importancia que la sistemática biológica tiene como sistema de referencia de la biología, existe una necesidad indispensable de completar la descripción de todas las especies en el menor tiempo posible. Las 1,7 millones de especies conocidas por la ciencia en la actualidad representan probablemente menos del 15% del número real de especies. De las especies conocidas, se estima que menos del 1% han sido estudiadas más allá de su localización geográfica, hábitat y caracteres morfológicos diagnósticos. Al mismo tiempo, miles de especies (conocidas y no conocidas) están amenazadas por una extinción inminente.

Si tuviéramos que caracterizar con una sola palabra la época actual de la sistemática, esa palabra sería 'molecular'. En todo el mundo se está dando una innegable tendencia en universidades, institutos de investigación, agencias de promoción de la ciencia y revistas especializadas a poner el foco en filogenias moleculares en desmedro de las áreas taxonómicas. El valor de los datos moleculares es enorme ya que, por ejemplo, los caracteres moleculares permiten no sólo reconstrucciones filogenéticas entre taxones cercanamente relacionados entre sí, sino también entre taxones lejanamente relacionados (por ejemplo, bacterios y mamíferos). Incuestionablemente, somos testigos de una época extraordinaria en la que las moléculas están generando una revolución sin precedentes en la disciplina. Sin embargo, en el discurso sistemático actual prevalece una visión molecular extrema y, como consecuencia de ello, un pensamiento hegemónico y muchas veces despreciativo de la sistemática.

Los peligros que la hegemonía molecular genera no son pocos y entre ellos podemos señalar:

1. un énfasis exagerado hacia la reconstrucción filogenética basada en datos moleculares en detrimento de la taxonomía;
2. un programa de investigación reduccionista que ignora muchos aspectos de la biología organísmica;
3. una disminución del trabajo taxonómico, disminución que afecta la conservación de la biodiversidad; y
4. un clima intelectual que margina a aquellos que tienen otros puntos de vista.

Un énfasis exagerado

En los últimos treinta años, la taxonomía clásica fue perdiendo gradualmente credibilidad entre los científicos. Esta visión de la taxonomía está basada en conceptos erróneos de cómo trabaja esta disciplina. La imagen de la taxonomía como una rama puramente descriptiva del conocimiento que sólo consiste en observaciones está muy difundida y gran parte del justificativo de la hegemonía molecular está basada en este error. De hecho, la taxonomía es una disciplina científica que requiere de descripciones, pero también de rigor teórico, empírico y epistemológico, y de trabajo en el campo y en el laboratorio.

Un taxón, la unidad básica de la taxonomía, es un sistema de clasificación y como tal es una hipótesis científica sobre el orden en la naturaleza. Como toda hipótesis científica, el taxón va más allá de la evidencia (observaciones) sobre las que está basado. Esto es, un taxón tiene mayor contenido científico (por ejemplo, capacidad predictiva y poder explicativo) que las proposiciones empíricas que este cubre. Este taxón-hipótesis, una vez que su contenido científico es puesto a prueba y corroborado, permite a los científicos estudiar aspectos de la biología más allá de la sistemática (ecología, biogeografía, fisiología comparativa, morfología comparativa, genética, conservación, etcétera).

Un programa de investigación reduccionista

La sistemática se enfrenta con varios niveles superpuestos de integración de estructuras y funciones, incluyendo las moléculas, los organismos, las poblaciones y las especies. El discurso dominante en la disciplina tiene un fuerte énfasis en el nivel molecular a expensas del nivel de los organismos. La evidencia de este limitado programa de investigación incluye los intentos recientes hacia la "molecularización" de la taxonomía usando unas pocas y seleccionadas secuencias de ADN (genes estándar) de todo el organismo para descubrir, caracterizar y distinguir a las especies, y para asignar individuos sin identificar a una especie determinada.

Muchas veces la información (morfológica, anatómica, fisiológica, citológica, ecológica, etc.) sobre los organismos, que es de interés para comprender su naturaleza y evolución, está contenida en el nivel molecular. Sin embargo, es irrecuperable en su totalidad de los datos tomados del nivel molecular. Tales propiedades emergentes deben ser estudiadas en forma

directa, y un énfasis extremo en el nivel molecular deja pocos recursos económicos y esfuerzos para la búsqueda de nuevas propiedades al nivel orgánico.

Una disminución del trabajo taxonómico

La hegemonía molecular provoca un claro retraso en el desarrollo de la taxonomía y con ello en las posibilidades de conservación de la biodiversidad. Este deterioro se ve reflejado en el llamado 'impedimento taxonómico'. A través de la Convención de la Diversidad Biológica, se ha reconocido la existencia del impedimento taxonómico para un manejo confiable de la biodiversidad. El impedimento taxonómico es el concepto utilizado para definir los errores y las deficiencias en nuestro conocimiento sobre el total de las especies que existen, la falta de taxónomos y el impacto que esta situación causa en nuestra capacidad para conservar y utilizar la biodiversidad.

Un clima intelectual

La sistemática, como toda actividad humana, tiene un contexto social. La presión de los pares juega un rol significativo en moldear el espíritu de la época. Los científicos sociales han estudiado cómo el clima de opinión depende de quién habla y quién permanece callado, y describen este proceso como la "espiral del silencio". Las corrientes de opinión dominantes o percibidas como vencedoras generan un efecto de atracción que incrementa su fuerza final. Los movimientos de adhesión a las grandes corrientes de opinión son un acto reflejo del sentimiento protector que confiere la mayoría y el rechazo al aislamiento, al silencio y la exclusión. Es más, quienes se identifican con corrientes que pierden vigencia o no tienen el reconocimiento mayoritario tratan de ocultar sus opiniones.

Este fenómeno social es lo que Alexis de Tocqueville (1805-1859) describió cuando escribió en su historia de la revolución francesa: ... *temiendo más al aislamiento que al error, se unieron a la multitud sin pensar como ella. Lo que no era más que el sentimiento de una parte de la nación pareció entonces la opinión de todos, y desde ese momento se transformó en irresistible hasta para los mismos que le daban esa falsa apariencia.* En este sentido, se ha desarrollado una dinámica peculiar en la era molecular de la sistemática. Aquellos que están convencidos de que los datos moleculares serán adoptados por todos se expresan abiertamente y, confiados, defienden sus ideas. Aquellos que están en contra de una hegemonía basada en los datos moleculares (aunque no contra las herramientas derivadas para la reconstrucción filogenética y otras áreas apropiadas) se sienten excluidos y permanecen en silencio. El hecho de que aquellos que no están conformes con la hegemonía actual de las moléculas estén en silencio refuerza la falsa impresión de que esta hegemonía tiene un sostén intelectual y político mayor del que en realidad tiene. Editores, colegas y administradores (afortunadamente no todos ellos) aplican en la sistemática un *vox popu-*

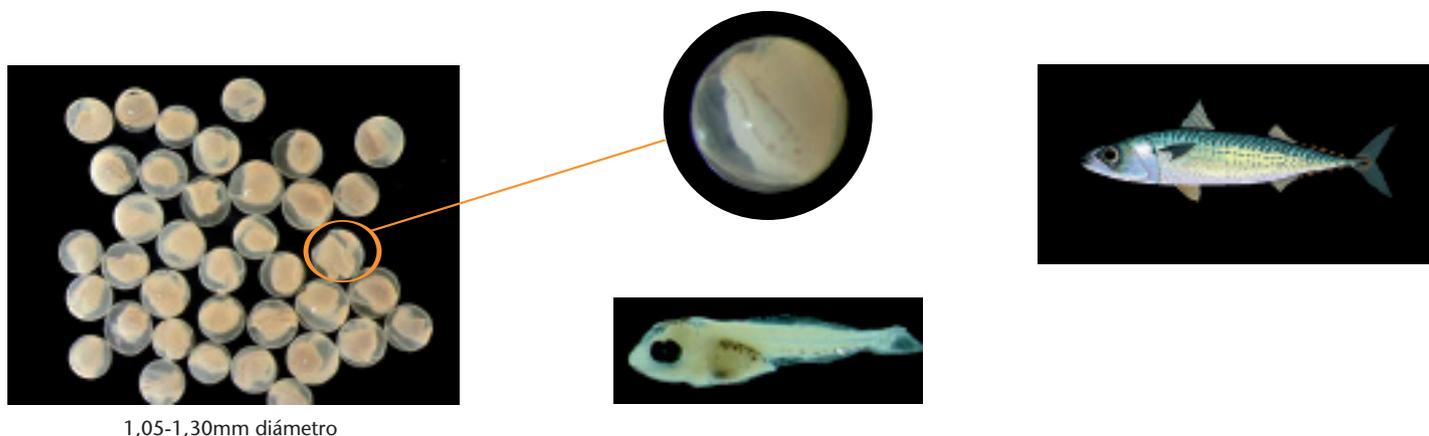
li, vox dei. Esta tendencia lleva a la comunidad a una amnesia histórica y a una superficialidad que confunde progreso tecnológico con avances conceptuales.

Conclusión

No se niega el aporte de los datos moleculares en la sistemática. Por otro lado, estar contra la tecnología no tiene más sentido que estar contra el alimento. Actualmente no podríamos vivir sin tecnología o sin alimentos. Pero señalar que es muy peligroso comer mucho o comer alimentos sin valor nutricional no es ser antialimento, es sugerir un mejor uso del alimento. Hay profundos peligros en un dominio estricto de la visión molecular sobre las restantes tareas de la disciplina. La atmósfera que actualmente rodea a la sistemática muestra una tendencia a la que los analistas políticos llaman *amplificaciones incestuosas*, una condición donde aquellos que toman las decisiones sólo escuchan a quienes están en completo acuerdo con ellos, reforzando un conjunto de creencias y creando una situación que fomenta el error de apreciación. La sistemática es una herramienta básica en la conservación de la biodiversidad, y sólo superando la actual hegemonía podemos esperar que ésta pueda hacer una contribución real para atenuar uno de los problemas más serios que enfrenta la humanidad: las extinciones masivas de especies. Para prevenir esta catástrofe, será necesario realinear las prioridades siguiendo una agenda sistemática que asegure un progreso armonioso de la disciplina.

Finalmente, un ejercicio podría ayudar a clarificar los argumentos sobre la necesidad de una taxonomía buena y confiable para el progreso de la biología toda. Para la mayoría de nosotros, los fundamentos de toda actividad intelectual son invisibles porque están tan profundamente embebidos en nuestra conciencia que parecen comunes y rutinarios. El gran pensador Marshall McLuhan señaló: *Quien sea el que descubrió el agua, puedes estar seguro de que no fue un pez.* La mayoría de las personas no solo no está interesada en valorar las cosas fundamentales; no puede siquiera imaginar la necesidad de hacerlo porque lo habitual es invisible. Para que la gente pueda valorar algo, se debe hacer que piensen en ello, lo que a su vez requiere que sea visible para ellos. Una manera de hacerlo es quitarlo completamente. El aire es literalmente invisible y la gente tiende a ignorarlo hasta que este falta. Una manera de hacer a la taxonomía visible sería quitarla de un proyecto biológico no sistemático (fisiológico, ecológico, morfológico, etcétera). Esto significaría que no habría un sistema de referencia, y por lo tanto no habría capacidad predictiva o poder explicativo asociado con él, no habría nombres (ni siquiera para grandes grupos como bacterios o angiospermas) asociados con las observaciones. Entonces, veríamos si es posible plantear el problema, obtener resultados y deducir conclusiones.

Identificación de huevos y larvas de peces mediante el barcode



1,05-1,30mm diámetro

Figura 4. Identificación precisa. El uso de los códigos de barras genéticos permite establecer que los huevos y las larvas pertenecen a la caballa azul. Ello permite la localización de las áreas de crianza y consecuentemente comprender la distribución del recurso y su dinámica poblacional.

detectaron casos de intoxicación por consumo de ciertos peces importados eviscerados y descabezados provenientes de Hong Kong, y comercializados con el nombre de Monk fish (ranas pescadoras, del género *Lophius*). Lo insólito del caso es que la sustancia tóxica encontrada fue tetrodotoxina (que se halla comúnmente en un grupo de peces de la región indopacífica conocido como peces globo y pertenecientes a la familia *Tetraodontidae*) que no está presente en las ranas pescadoras. Como se dice popularmente, se importó gato por liebre.

Como síntesis el Proyecto FishBOL pretende constituir una herramienta útil para responder a problemas taxonómicos que a través de los métodos tradicionales no pueden ser resueltos, contribuir a la conservación y el manejo de los recursos pesqueros mediante la identificación certera del recurso en cuestión, aportar información para la discusión de relaciones filogenéticas e

historias de vida de los peces proveyendo información valiosa para estudios de biodiversidad.

Debido a que los códigos de barras genéticos serían inútiles sin una correcta y precisa identificación específica de los especímenes de referencia, a cargo de taxónomos e ictiólogos expertos, el éxito de FishBOL servirá como una demostración del inmenso valor que las colecciones de referencia, museos y taxónomos tienen tanto para la ciencia como para la sociedad.

El futuro no tan lejano

Así como los avances tecnológicos de las últimas dos décadas han bajado los costos de secuenciación de las bases químicas que constituyen el ADN a valores accesibles y han puesto al alcance de numerosos usuarios los

¿ESTÁ LA SISTEMÁTICA BIOLÓGICA EN EXTINCIÓN?

Pablo E Penchaszadeh

La biología molecular, en los países del llamado tercer mundo, muy a menudo barre con la sistemática animal y vegetal. En los países desarrollados en cambio no solo se fomenta sino que se ve con enorme preocupación su desaparición. Y los investigadores de la sistemática biológica son considerados un recurso en extinción pero todavía encontrable en nuestros países, sobreviviendo a las situaciones de desestímulo y falta de dineros por políticas que priorizan la investigación molecular y sus técnicas derivadas, como la biotecnología. Muchos científicos que crean conocimiento sobre la sistemática biológica

son captados por los países del llamado primer mundo.

Pero el menosprecio por esa actividad y de sus cultores ha llevado en nuestros países al mayor sectarismo y aislamiento en aras de un progresismo autodeclamado.

El barcode es una técnica que podría ayudar a identificar algunos problemas de sistemática. Pero es de poca ayuda si no se conoce la taxonomía. Es más, los grupos de investigación que en la Argentina lideran la utilización de esa técnica son dirigidos por taxónomos connotados. No es casualidad que haya comenzado a utilizarse en grupos cuya sistemática es muy

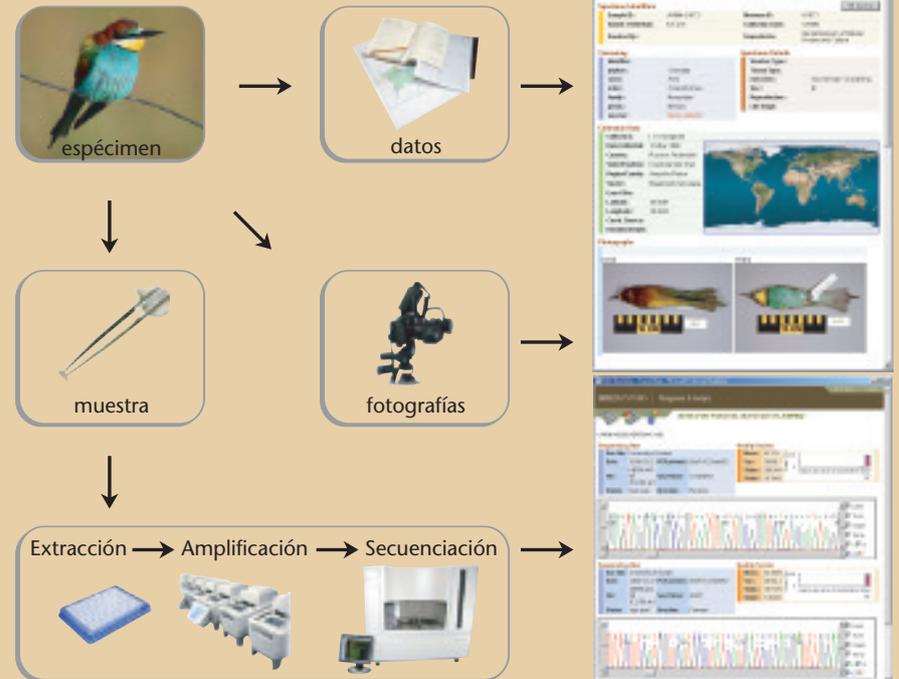
conocida, como peces, pájaros, mamíferos y otros vertebrados. No es, y los propios científicos que lo utilizan lo señalan, una técnica que pueda funcionar independiente de la sistemática biológica ni va a resolver por sí sola la ubicación de algún taxón. Sería una lástima que algunos investigadores del campo de la biología molecular y de la biología experimental y la política oficial lo crean así. Poca ayuda le estarían haciendo a la conservación de la biodiversidad. Mas del 80% de la fauna y flora del planeta no ha sido descubierta y gran parte se extinguirá sin siquiera tener nombre.

¿CÓMO SE USA EL CÓDIGO DE BARRAS GENÉTICO?

El sistema de códigos de barras genéticos ha sido creado como una herramienta efectiva (en costo y tiempo) para colaborar en la identificación de especies. Para ello, el primer paso consiste en 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 a la que pueda accederse libremente. Por último, cualquier nueva muestra puede ser comparada con la base de datos y por similitud (aplicando algún criterio que se estime apropiado) encontrar el nombre de la especie a la que pertenece la muestra incógnita. Con este propósito el BIO ha creado el Barcode of Life Data System (BOLD), una plataforma informática que, además de almacenar la secuencia y todos los datos asociados al proceso y su ejemplar testigo, permite realizar diferentes análisis, entre ellos el de ingresar una secuencia incógnita y recuperar una identificación. En la actualidad existen, en todo el mundo, más de 377.000 secuencias pertenecientes a más de 38.000 especies, la mayoría de las cuales están almacenadas en BOLD.

Esta herramienta también puede ayudar a los taxónomos en el descubrimiento y la descripción de nuevas especies, ya que si la secuencia investigada no corresponde con ninguna de la base de datos de las especies conocidas esto puede significar que estamos frente a una nueva entidad. La confirmación de que se trata de una nueva especie requiere de evidencias morfológicas, comportamentales, genéticas, etcétera, pero de esta manera se espera que el código de barras genético ayude a descubrir una parte importante de la biodiversidad del planeta.

Proceso de análisis



Utilización de la base de datos de referencia para la identificación de las especies

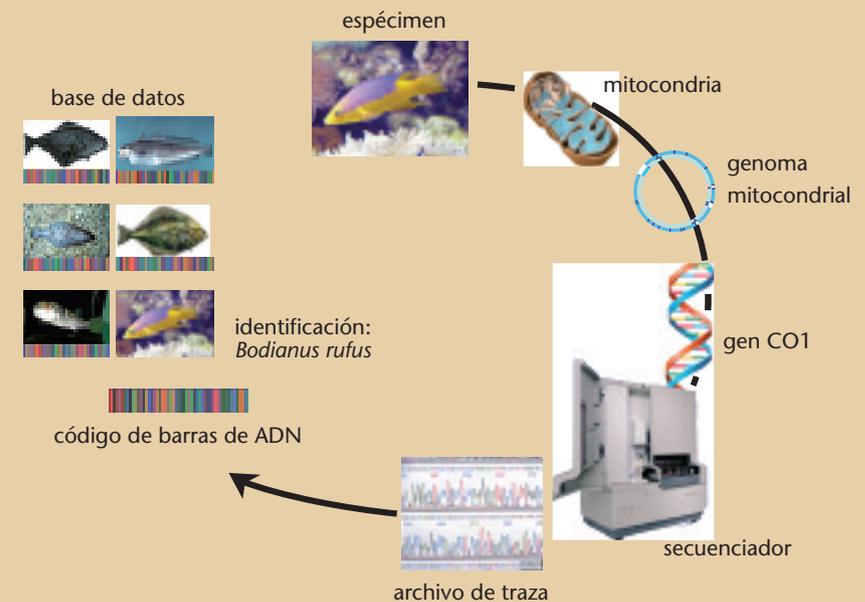


Figura 5. A. El primer paso para el uso de los códigos de barras genéticos es la construcción de una base de datos con las secuencias de referencia de todas las especies conocidas. Para ello es necesario cumplir con ciertos estándares de calidad, que incluyen la existencia de un ejemplar testigo (*voucher*) depositado en una colección permanente y con todos sus datos de colección, la secuencia genética debe incluir no menos de quinientos pares de bases y ser bidireccional, con no más de un 1% de error. Además, se requiere toda la información accesoria del proceso de análisis genético (primers, electroferogramas).

B. Una vez que la base de datos está completa, cualquier muestra de la que se pueda obtener el código de barras genético puede ser comparada con la base de datos. Si esa secuencia coincide con alguna de las secuencias de referencia, se obtiene una identificación preliminar. Este es el uso primario del sistema de códigos de barras genéticos. Sin embargo, y en caso de que la secuencia desconocida no coincida con ninguna de las secuencias de referencia, ello permite sospechar que se está en presencia de una nueva especie para la ciencia. Para ello se necesitan estudios (morfológicos, comportamentales, genéticos) que permitan a los taxónomos tomar una decisión al respecto. En este sentido, el sistema de códigos de barras genéticos podrá ser una herramienta eficaz para continuar descubriendo la enorme biodiversidad que existe en el planeta.

POBLANDO LA BASE DE DATOS: EL IBOL

Recientemente y en forma complementaria al CBOL, una nueva iniciativa denominada 'iBOL' (International Barcode of Life) ha sido generada en el marco llamado International Consortium Initiative (ICI) de Genome Canada. El propósito de esta iniciativa que involucra veinticinco países, entre ellos la Argentina, es la obtención de cinco millones de códigos de barras genéticos de 500.000 especies durante el período 2009-2014.

Con este propósito el CONICET ha constituido el Fondo Argentina con recursos propios y contribuciones de contraparte que se utilizarán para impulsar el desarrollo de los códigos de barras genéticos en la Argentina. Estas actividades implican la obtención de las secuencias barcode en el mayor número de especímenes que cumplan con los estándares establecidos por el iBOL y el CBOL (por ejemplo, que las muestras de tejido de las que se obtienen las secuencias de referencia posean un ejemplar testigo depositado en colecciones permanentes, que haya sido correctamente identificado con todos sus datos de colección asociados, etcétera).



Figura 6. El lector de códigos de barras genéticos portátil, una posible futura guía de campo.

LECTURAS SUGERIDAS

HEBERT P D N, CYWINSKA A, BALL S L & DEWAARD R, 2003, 'Biological identifications through DNA barcodes', *Proc. R. Soc. Lond.*, B. 270:313-322.

HEBERT P D N, RATNASINGHAM, S & DEWAARD J R, 2003, 'Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species', *Proc. R. Soc. Lond.*, B. (DOI 10.1098/rsbl.2003.0025).

HEBERT P D N, STOECKLE M Y, ZEMLAK T S & FRANCIS C M, 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 & HEBERT P D N, 2007, 'Comprehensive DNA barcode coverage of North American birds', *Molecular Ecology Notes*, doi: 10.1111/j.1471-8286.2006.01670.x.

WARD R D, ZEMLAK T S, INNES B H, LAST P R & HEBERT P D N, 2005, 'DNA barcoding Australia's fish species', *Philosophical Transaction of the Royal Society of London, Series B*, 360: 1847-1857.

SITIOS DE INTERNET DE INTERÉS

www.barcoding.si.edu

www.fishbol.org

www.barcodinglife.org

www.dnabarcoding.ca

www.barcodingbirds.org

phe.rockefeller.edu/barcode/blog

equipos necesarios para obtener códigos de barras genéticos, la tecnología informática ha permitido la diseminación de esta técnica a escala global, haciendo posible la implementación de los códigos de barras genéticos como una herramienta común de identificación de especies. En los próximos años seremos testigos de otros cambios que se están gestando y que prometen transformar por completo la forma en que obtenemos, procesamos y accedemos a la información sobre la biodiversidad. Por ejemplo, las técnicas capaces de obtener en una sola 'corrida' la secuencia de cientos de miles de ADN.

Sumémosle a esto los avances nanotecnológicos que están reduciendo el tamaño, los costos y los tiempos necesarios para realizar los procesos de análisis. El resultado puede ser el desarrollo de dispositivos portátiles del tamaño de un teléfono celular capaces de leer la secuencia barcode de cualquier organismo y, por comparación con la base de datos de las secuencias de referencia (grabada en una memoria o consultada en una base de datos remota vía internet), mostrarnos en la pantalla el nombre y todos los datos de interés conocidos acerca de esa especie. Quizá en ese momento tengamos la respuesta que buscamos a la vieja y fundamental pregunta que todos nos formulamos y que titula este trabajo. **CH**



Pablo Tubaro

Doctor en ciencias biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA.
Investigador independiente, CONICET.
Vicedirector, Museo Argentino de Ciencias Naturales 'Bernardino Rivadavia' e Instituto Nacional de Investigación de las Ciencias Naturales, MACN-CONICET.
Chair, All Birds Barcoding Initiative (ABBI).
Miembro del Implementation Board, Consortium for the Barcode of Life.
ptubaro@macn.gov.ar



Juan Martín Díaz de Astarloa

Doctor en ciencias biológicas, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata.
Profesor adjunto regular con dedicación exclusiva, UNMDP.
Investigador independiente, CONICET.
Chair para Sudamérica, Fish Barcode of Life (FishBOL).
astarloa@mdp.edu.ar