

# ConCiencia

## Código de barras de ADN

¿El futuro pokédex del zooplancton?

Marco Antonio Jiménez-Santos<sup>1\*</sup>

Michael Anai Figueroa-Sánchez<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Biology Centre CAS, República Checa

<sup>2</sup>COMECyT, FES Iztacala UNAM, México

\*marco.santos@upb.cas.cz

Satoshi Tajiri fue conocido como el Dr. Insecto, ya que en su infancia jugaba fuera de casa y se fascinaba con los insectos que encontraba a su alrededor. Colectar *bichos* fue su inspiración para desarrollar un videojuego con la tarea de capturar *monstruos*, esto derivó en la franquicia Pokémon [1]. En biología aún es indispensable: conocer, identificar y catalogar a los seres vivos, esos pequeños y grandes *monstruos* que hoy llamamos especies. Hasta la fecha conocemos más de 1 millón y cada año se descubren más.

En la serie Pokémon, el pokédex es un dispositivo que brinda información sobre los monstruos que encuentran durante las aventuras de los personajes. Por consiguiente, surge la pregunta ¿en la vida real podrá existir una forma fácil, rápida y automática de reconocer a las especies? En realidad, estamos más cerca de conseguirlo gracias al ADN y la bioingeniería.

El ADN y ARN son la base para la formación de aminoácidos y proteínas, estas moléculas están formadas por nucleótidos llamados Adenina, Guanina, Timina, Citosina y Uracilo; abreviados como A, G, T, C y U (la sopa de letras de la vida). La combinación de estas letras es como un libro de cocina que se compone de múltiples recetas (genes), con ingredientes e instrucciones

para el desarrollo de los ojos, dedos, corazón, la piel, etcétera. Por ejemplo, durante la respiración participan unas proteínas que derivan de un gen en particular (gen del citocromo), sus nucleótidos se comparten entre humanos, chimpancés, ratones, peces y otros animales microscópicos, aunque con algunas diferencias; siguiendo la analogía anterior, cada especie es el resultado de una receta que se ha preparado de diferentes formas con el paso del tiempo y esas letras podrían representarse como un código de barras de la vida (figura 1).

¿Cómo se obtienen las letras de los nucleótidos en el código de barras del ADN? A grandes rasgos se compone de cuatro pasos: 1) se extrae el ADN de las células, 2) con un gen de referencia (cebador o primer) se aísla una secuencia de nucleótidos del ADN y se obtiene en grandes cantidades mediante su clonación, 3) se procesa el material obtenido anteriormente para “leer” cada nucleótido del gen y generar un documento con todos los nucleótidos (véase a detalle en: <https://youtu.be/TalHTjA5gKU>), 4) se buscan similitudes o diferencias con datos ya publicados. Cuando no hay datos o artículos para comparar, se puede proponer la descripción de las especies conocidas, así como darles nombre a otras [2].

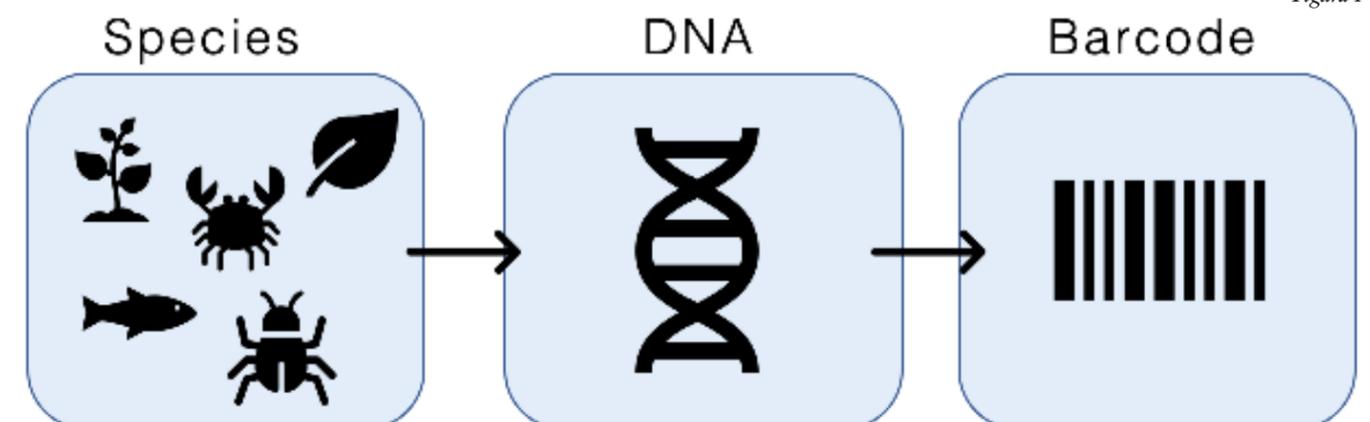


Figura 1

Generalmente, para lograr esto se utiliza equipo que hasta hace unos años era costoso y voluminoso, pero que hoy, gracias a la tecnología, podemos acceder a ellos de forma más accesible. Se han creado equipos del tamaño de la palma de la mano, como los equipos Bento Lab y MinION (figura 2) que aún se encuentran en desarrollo. Estos equipos podrían ser de gran utilidad para los buscadores de bichos al aire libre, como todos unos maestros Pokémon.

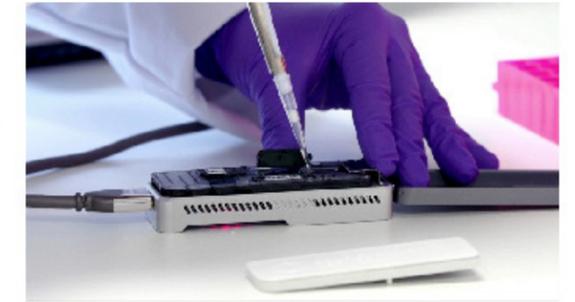
Así como Satoshi Tajiri y su interés por los insectos, el interés de los autores de este escrito por la biología va encaminada a los bichos acuáticos. En los ecosistemas acuáticos existen una gran variedad de animales, plantas, bacterias, hongos, entre otros; también se puede encontrar pequeños e importantes grupos como el zooplancton (animales microscópicos que miden entre un par de milímetros hasta 20 micrómetros, es decir dividiendo un milímetro en mil). Estos grupos son importantes en las redes alimenticias, ya que se alimentan del fitoplancton (microalgas) las cuales si no son controladas pueden llegar a crecer en exceso y provocar malos olores, cambios en el color del agua o incluso disminuir el oxígeno de los peces y otros organismos; y esto ocasiona que el agua sea de mala calidad. El zooplancton a su vez sirve de alimento a peces y a una gran variedad de larvas de insectos y otros depredadores [3].

Por lo que nos llegamos a preguntar ¿el uso del código de barras de ADN ayudaría en la identificación de especies del zooplancton? Se han descrito diversos casos donde el ADN ayuda en la identificación de especies y todo apunta a una subestimación de hasta siete veces [4]. El código de barras se ha aplicado ampliamente en los rotíferos, zooplancton importante en la acuicultura de peces y almejas de consumo humano, así como para la acuariofilia.

El rotífero *Brachionus plicatilis* es una especie muy estudiada, acuicultores e investigadores desde los años 80 notaron que algunos animales diferían en su tamaño y con estudios detallados lo separaron primero en dos y luego en tres especies (figura 3). Las diferencias entre especies son sutiles a simple vista, sin embargo, actualmente y después de análisis tradicionales de su forma, comportamiento, ecología, reproducción y del ADN, ahora se reconocen hasta quince especies, aunque se cree que podrían ser más de treinta [5]. Entonces, si en el



Bento lab



Secuenciador MinION

Figura 2

zooplancton se conocen cerca de 6000 especies y concluyendo que las estamos subestimando, el número total podría llegar a ser mucho mayor. No obstante, el código de barras aún está en desarrollo para muchos de estos organismos microscópicos.

El avance biotecnológico para identificar a las especies de manera rápida y eficaz permitirá conocer especies únicas e importantes para su conservación que, ante las múltiples amenazas como la contaminación y el cambio climático, se encuentran en riesgo. El uso del código de barras de la vida parece ser una buena herramienta en el caso de los ecosistemas acuáticos, aunque aún falta mucho por explorar y comprender. Ya que la Tierra está llena de vida, en algún momento la gente podrá interactuar más con la naturaleza e ir en busca de estos pokémon de la vida real con la pokédex en la mano, lo cual pondrá en perspectiva su valor, lo especial que es este planeta y lo frágil que pueden ser los ecosistemas tan importantes como ríos, lagos y mares, de los cuales depende nuestro bienestar. [doi:10.1007/s10841-017-9999-9](https://doi.org/10.1007/s10841-017-9999-9)

## Referencias

- [1] TIME asia. (1999). The Ultimate Game Freak. Time Asia, vol. 154, no. 20, 11.
- [2] Fontaneto, D., Flot, J.-F. y Tang, C. O. (2015). Guidelines for DNA taxonomy, with a focus on the meiofauna. Marine Biodiversity, vol. 45, pp. 433-451.
- [3] Conde-Porcuna, J. M., Ramos-Rodríguez, E. y Morales-Baquero, R. (2004). El zooplancton como integrante de la estructura trófica de los ecosistemas lénticos. Ecosistemas, vol. 13 (2).
- [4] Tang, C. Q., Leasi, F., Obertegger, U. y Fontaneto, D. (2012). The widely used small subunit 18S rDNA molecule greatly underestimates true diversity in biodiversity surveys of the meiofauna. PNAS, pp. 16208-16212.
- [5] Mills, S., Alcántara-Rodríguez, J. A., Ciroso-Pérez, J., Gómez, A., Hagiwara, A., Galindo, K. H., Jersabej, C. D., Malekzadeh-Viayeh, R., Leasi, F., Lee, J.-S., Welch, D. B. M., Papakostas, S., Riss, S., Segers, H., Serra, M., Shiel, R., Smolak, R., Snell, T. W., Stelzer, C.-P., Tang, C. O., Wallace, R. L., Fontaneto, D. y Walsh, E. J. (2017). Fifteen species in one: deciphering the *Brachionus plicatilis* species complex (Rotifera, Monogononta) through DNA taxonomy. Hydrobiologia, vol. 796, pp. 39-58.

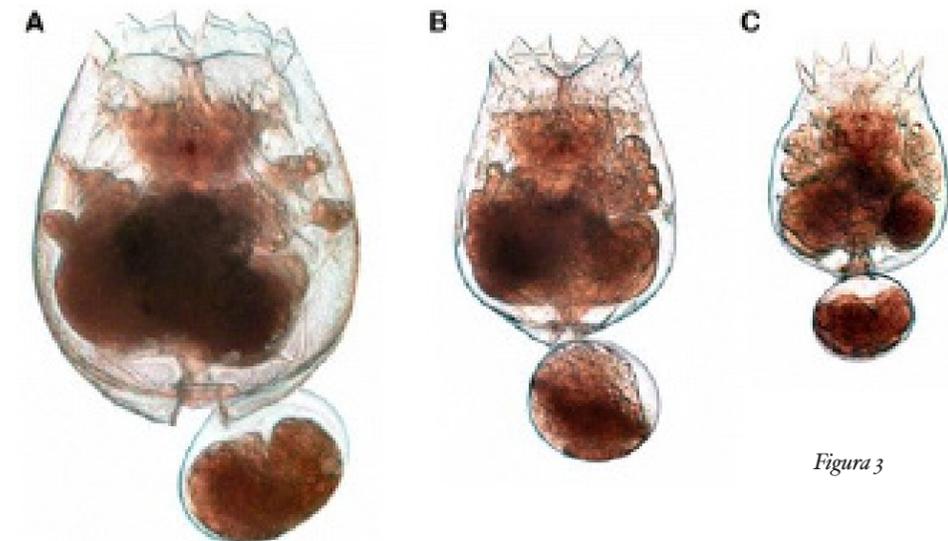


Figura 3