

ARTÍCULO OPINIÓN

CÓDIGOS DE BARRAS DE ADN Y EL ACCESO A LOS RECURSOS GENÉTICOS PARA POTENCIAR AL SECTOR AGROPECUARIO

A finales del siglo XX, el naturalista Daniel Janzen en una conferencia transmitió una idea novedosa. Las palabras exactas se perdieron, pero unos colegas que oyeron al Dr. Janzen parafrasean: “yo quiero que un día todas las especies del mundo puedan identificarse usando una cajita que quepa en la palma de mi mano” ¿Se pueden imaginar? Janzen incluso le puso nombre a la cajita: *the barcode generator* (traducido al español como la ‘generadora de códigos de barras’). La idea era simple, usted tome una muestra de alguna especie biológica de su interés (p.ej. la plaga que está atacando a la papa, el hongo que está causando una enfermedad al banano, la maleza que está creciendo dentro de su cultivo y que no puede erradicar), ponga la muestra en la cajita, oprima un botón y ¡listo! La máquina le da el nombre de la especie en poco tiempo.

La idea de Janzen —de tener un método universal para la identificación de especies— tuvo mucha acogida y Paul Hebert, de la Universidad de Guelph en Canadá, la hizo realidad. Hebert primero demostró que el concepto de códigos de barras de ADN (CB-ADN) funcionaba [1]. Usando como referencia secuencias del gen mitocondrial COI, lograron identificar correctamente el 100% de sus muestras de mariposas. Encontraron, entonces, que el potencial de los códigos de barras era inmenso. Una vez completa la base de referencia se podría identificar con gran exactitud, en corto tiempo, cualquier especie biológica en general, y en particular, especies de interés agropecuario. En la actualidad ya existe una gran base de datos, de acceso libre, que organiza la información disponible sobre más de 5 millones de CB-ADN de cientos de miles

de especies; esta plataforma se llama BOLD (<http://boldsystems.org>) [2]. La cajita de Janzen que facilite la identificación de especies es aún un laboratorio convencional de biología molecular; aunque existen avances hacia la simplificación como el secuenciador portátil MinION de la compañía Nanopore (<https://nanoporetech.com/products/minion>).

Los CB-ADN son pequeñas secuencias de ADN que por sus características (gran variabilidad entre especies, poca variabilidad dentro de una especie) nos ayudan a identificar muestras de interés Fig. 1. Su funcionamiento es similar a las máquinas lectoras de códigos de barras en los supermercados. Para que funcionen deben estar asociadas a bases de datos actualizadas y completas. Los loci usados como CB-ADN difieren entre grupos taxonómicos. Mientras que para los animales el locus de preferencia es el gen mitocondrial COI, para plantas se usan simultáneamente secuencias de tres plástidos (*rbcl*, *matK*, y *trnH-psbA*) y un gen nuclear (ITS). El ITS es también el gen preferido como CB-ADN de hongos [3, 4].

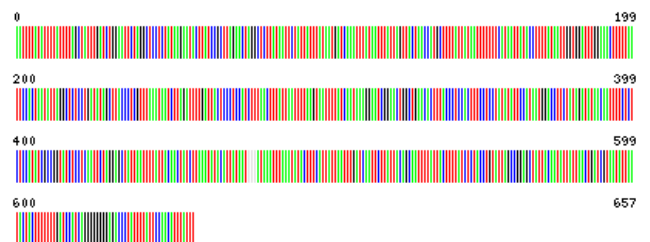


Fig. 1. Visualización de un CB-ADN. Una secuencia de 658bp de la hormiga arriera *Atta cephalotes*. Esta hormiga hace nidos tridimensionales inmensos (varias decenas de m³) y logra defoliar grandes cantidades de cultivos en las zonas subtropicales y tropicales del Ecuador

Usos de los CB-ADN

Identificación de especies invasoras y plagas

En el Ecuador existen innumerables plagas (insectos fitófagos, hongos, bacterias, malezas, nematodos, etc.), muchas de ellas invasoras (que vienen de fuera del Ecuador) como *Tecia solanivora* y *Achatina fulica*. Estas especies afectan a casi todos los frentes del sector agropecuario causando pérdidas económicas grandes y permanentes en las cosechas. Estas pueden ser por la actividad directa de las especies (defoliación, deterioro de tejidos de la planta, daño

estético en productos, presencia, etc.) cómo por el impacto económico de pesticidas y herbicidas usados para su control. El uso de CB-ADN sería uno de los métodos de identificación de especies invasoras y plagas más eficiente y posiblemente el más rápido [ej.: 5, 6]. La identificación rápida y correcta de estas especies puede contribuir a su erradicación o contención de su distribución, y nos permitiría estudiar más eficientemente aspectos como: resistencia a los pesticidas, análisis de poblaciones, estudios de fitopatología, análisis filogenéticos, eventos de emigración e inmigración.

Identificación de microorganismos no cultivables

El uso de CB-ADN es extremadamente útil para la identificación de microorganismos que sean difíciles o imposibles de reproducir en medios de cultivo. Ejemplos de estos organismos son los fitoplasmas que son patógenos de vegetales que silenciosamente bajan los rendimientos causando grandes pérdidas en los cultivos. El uso de CB-ADN promete ser una alternativa eficiente para la pronta identificación de estos organismos [7].

Barreras para arancelarias

Otra actividad de impacto económico es la existencia de las barreras para arancelarias, en donde las restricciones fitosanitarias juegan un papel primordial. Esta herramienta sería muy útil para la identificación de plagas cuarentenarias presentes en cultivos que se están exportando (y así evitar que embarques de cultivos agrícolas sean destruidos), así como también de cultivos que se están importando (y así evitar que plagas peligrosas ingresen al país) [ej.: 8].

Experiencias en el Ecuador con CB-ADN

El uso de CB-ADN es aún muy limitado en el Ecuador. La mayoría de estudios que utilizan CB-ADN son publicados por naturalistas y taxónomos interesados en dilucidar la gran biodiversidad del país. El ingreso de los CB-ADN en el sector agropecuario es mínimo, situación que es sorprendente porque éste es quizá el sector productivo del país donde la rápida identificación de patógenos y plagas evitaría pérdidas económicas.

Tres proyectos que usan CB-ADN en el Ecuador llaman la atención: (1) Agrónomos de Agrocalidad, liderados por José Vilatuña, están identificando con

CB-ADN especies de moscas de la fruta de todo el Ecuador que afecten a las plantaciones comerciales. Vilatuña espera crear un catálogo de las especies de esta peste, estudiar su distribución y diseñar una estrategia que ayude a controlar este problema. (2) La Dr. Sandra Garcés, de la Estación Experimental Santa Catalina del INIAP y sus colaboradores, desarrollan investigaciones aplicando herramientas moleculares, entre otras, los CB-ADN para la identificación molecular de los artrópodos asociados a varios cultivos de las Islas Galápagos; así también, la identificación molecular de las especies del género *Spodoptera* recolectadas en cultivos de maíz suave de la provincia de Bolívar. Dichas actividades se desarrollan con la participación de un equipo multidisciplinario, con especialistas en diferentes áreas (biotecnología, virología, fitopatología, nematología, malezología y entomología). (3) Uno de nosotros (CC) co-lidera con Olivier Dangles del IRD el proyecto "LEGUMIP: Strategies for integrated management of lupine pests in social-ecological agroscape". El proyecto busca dar respuestas al productor de chocho dentro de una herramienta de manejo integrado de plagas, utilizando control biológico conservativo y estudios del paisaje. LEGUMIP identificará los insectos asociados con el agroecosistema y sus interacciones utilizando CB-ADN.

El próximo paso para que más científicos ecuatorianos realicen proyectos con CB-ADN es la formación de un portal para la coordinación de esfuerzos investigativos, de infraestructura y recursos financieros. Entre los países latinoamericanos destacan México y Perú por implementaciones de dichos portales: Mexbol (<http://mexbol.org>) y Pebol (<http://pebol.org>) respectivamente.

Acceso a los recursos genéticos en el Ecuador

La ley del Ecuador considera como recurso genético ecuatoriano a todo segmento de ADN que provenga de organismos que ocurren en territorio ecuatoriano, y todo proyecto que generará datos genéticos necesita de un contrato marco de acceso a recursos genéticos otorgado por el Ministerio del Ambiente (MAE). La idea de contralar el acceso a los recursos genéticos es noble, pero su implementación acarrea problemas que a continuación mencionamos dos ejemplos: (1) CB-ADN: Si bien es cierto que los CB-ADN son un fragmento genético, su utilidad

fundamental consiste en la identificación rápida y confiable de los organismos. Millones de barcodes de miles de especies ya han sido producidas en todo el mundo (<http://boldsystems.org>) con el propósito de acelerar la identificación de biodiversidad del planeta; los países que se atrasen en la generación de CB-ADN corren el riesgo de quedarse rezagados en el conocimiento y el aprovechamiento económico de sus especies. (2) Genomas vegetales: si los CB-ADN son una de las representaciones más simples de los datos genéticos, los genomas completos son la quintaescencia de esta era de descubrimientos genómicos. Particularmente el sector agropecuario se beneficiaría ampliamente de estudios genómicos sobre especies nativas para determinar las bases genéticas de características económicamente importantes [9, 10]. Sin embargo, la mezcla peligrosa de exceso de trámites burocráticos para obtener un contrato de acceso a recursos genéticos, y la poca capacidad de generación de datos genéticos, más las limitantes económicas para hacer ciencia en el país hacen que muy poca investigación sobre genética y genómica se pueda realizar en el Ecuador. Los permisos para investigar nuestros recursos genéticos disminuyen aún más nuestra baja competitividad científica. Nuevamente se deben reformular los requisitos que se necesiten para obtener los permisos de investigación necesarios. Obtener estos permisos debería ser mucho más simple (tal vez un proceso que tome menos de un día) para incentivar los estudios sobre nuestros valiosos recursos genéticos.

Referencias

- [1] P. D. Hebert, A. Cywinska, S. L. Ball (2003) "Biological identifications through DNA barcodes", *Proc. R. Soc. London, Ser. B*, 270(1512), 313-321.
- [2] S. Ratnasingham, P. D. Hebert (2007) "BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>)", *Mol. Ecol. Notes*, 7(3), 355-364.
- [3] China Plant BOL Group, et al. (2011) "Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants", *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 108(49), 19641-19646.
- [4] C. L. Schoch, et al. (2012) "Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi", *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 109(16), 6241-6246.
- [5] R. G. Foottit, H. E. L. Maw, C. D. Von Dohlen, P. D. N. Hebert (2008) "Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes", *Mol. Ecol. Resour.*, 8(6), 1189-1201.
- [6] F. M. Khamis, D. K. Masiga, S. A. Mohamed, D. Salifu, M. de Meyer, S. Ekesi (2012) "Taxonomic identity of the invasive fruit fly pest, *Bactrocera invadens*: concordance in morphometry and DNA barcoding", *PLoS One*, 7(9), p.e44862.
- [7] O. Makarova, N. Contaldo, S. Paltrinieri, G. Kawube, A. Bertaccini, M. Nicolaisen (2012) "DNA barcoding for identification of '*Candidatus Phytoplasmas*' using a fragment of the elongation factor Tu gene", *PLoS One*, 7(12), p.e52092.
- [8] P. Bonants, et al. (2010) "QBOL: a new EU project focusing on DNA barcoding of quarantine organisms", *Bull. OEPP*, 40(1), 30-33.
- [9] D. E. Jarvis, et al. (2017) "The genome of *Chenopodium quinoa*", *Nature*, 542, 307-312.
- [10] D. Tieman, et al. (2017) "A chemical genetic roadmap to improved tomato flavor", *Science*, 355(6323), 391-394.



David A. Donoso

Licenciado en biología por la PUCE, Ph.D. en ecología y biología evolutiva por la Universidad de Oklahoma. Profesor de la Escuela Politécnica Nacional. Estudia insectos, particularmente hormigas tropicales y sus principales intereses están en las interacciones entre ecología de comunidades y ecosistemas. Le gusta responder a preguntas como ¿Por qué hay tantas especies de hormigas en los trópicos? ¿En qué funciones ecosistémicas participan las hormigas? ¿Cómo las hormigas responden al calentamiento global? Responde estas preguntas en Ecuador, Panamá, Tailandia, Papua Nueva Guinea y China.

particularmente hormigas tropicales y sus principales intereses están en las interacciones entre ecología de comunidades y ecosistemas. Le gusta responder a preguntas como ¿Por qué hay tantas especies de hormigas en los trópicos? ¿En qué funciones ecosistémicas participan las hormigas? ¿Cómo las hormigas responden al calentamiento global? Responde estas preguntas en Ecuador, Panamá, Tailandia, Papua Nueva Guinea y China.

Dr. David A. Donoso

Ph.D. en Ecología y Biología Evolutiva



C. Miguel Pinto

Licenciado en biología por la PUCE, M.Sc. en biología por la Universidad de Texas Tech, Ph.D. en biología por la Universidad de la Ciudad de Nueva York. Profesor de la Escuela Politécnica Nacional y Coordinador del Instituto de Ciencias Biológicas. Sus intereses de investigación se enfocan en: (1) el estudio de la biodiversidad de mamíferos neotropicales, y (2) la evolución de agentes infecciosos. Para sus investigaciones hace uso de marcadores moleculares, y actualmente trabaja en proyectos que buscan dilucidar las relaciones filogenéticas de mamíferos andinos y los orígenes evolutivos de zoonosis, incluyendo Chagas y leishmaniasis.

La Politécnica Nacional y Coordinador del Instituto de Ciencias Biológicas. Sus intereses de investigación se enfocan en: (1) el estudio de la biodiversidad de mamíferos neotropicales, y (2) la evolución de agentes infecciosos. Para sus investigaciones hace uso de marcadores moleculares, y actualmente trabaja en proyectos que buscan dilucidar las relaciones filogenéticas de mamíferos andinos y los orígenes evolutivos de zoonosis, incluyendo Chagas y leishmaniasis.

Dr. C. Miguel Pinto

Ph.D. en Biología



Carlos Carpio C.

Licenciado en biología por la PUCE, ingeniero agropecuario por la ESPE, y M.Sc. en ciencias agropecuarias con mención en sanidad vegetal por la Universidad de Chile. Ha realizado investigaciones en ecología de

escarabajos peloteros y plagas invasivas con el grupo PUCE-IRD, y en Manejo Integrado de plagas dentro del Proyecto INNOVA-Chile. Miembro de la Sociedad Ecuatoriana de Biología. Actualmente es investigador del grupo de investigación Centro de Desarrollo de Tecnologías para la Reducción y Racionalización de Agroquímicos (CEDETERRA-ESPOCH) y docente de la Facultad de Recursos Naturales de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH).

Ing. Carlos Carpio C.

M.Sc. en Ciencias Agropecuarias con mención en sanidad vegetal