

EL CÓDIGO DE BARRAS DE ADN(*barcoding*): UNA HERRAMIENTA PARA LA INVESTIGACIÓN Y CONSERVACIÓN DE LA DIVERSIDAD BIOLÓGICA EN EL ECUADOR

DNA BARCODING: A TOOL FOR RESEARCH AND CONSERVATION OF BIODIVERSITY IN
ECUADOR

Marco Altamirano-Benavides^{1,2,3,*} y Patricio Yáñez M.^{1,4}

¹ Carrera de Administración de Empresas Turísticas e Instituto de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, Universidad Iberoamericana del Ecuador. 9 de Octubre N25-12 y Colón, Quito-Ecuador

² Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Central del Ecuador, Ciudadela Universitaria-Jerónimo Leiton y Av. La Gasca s/n. Quito-Ecuador.

³ Estación Científica Juri-Juri Kawsay, Universidad Central del Ecuador, Av. América N23-41 y Mercadillo. Quito-Ecuador

⁴ Escuela de Biología Aplicada, Universidad Internacional del Ecuador, Av. Simón Bolívar s/n y Jorge Fernández, Quito-Ecuador.

*Autor para correspondencia: maltamirano@unibe.edu.ec

Manuscrito recibido el 15 de enero de 2016. Aceptado, tras revisión, el 10 de junio de 2016.

Resumen

El Ecuador es un país considerado megabiodiverso por su alta riqueza de especies en varios grupos biológicos; sin embargo, aún se desconoce el número total de estas especies, en parte debido a la falta de fondos de investigación, complejidad taxonómica de algunos grupos y el relativo aislamiento del país en relación a iniciativas científicas mundiales. Solamente la creación de un sistema de identificación de especies que incluya las características del espécimen voucher, muestras de tejidos y la secuencia de Barcodes permitiría llegar a determinar la verdadera riqueza biológica del Ecuador. El presente trabajo aborda algunos aspectos sobre la iniciativa mundial del «Código de Barras del ADN», se hace hincapié en sus potenciales aplicaciones en torno a la investigación para la conservación de la diversidad biológica del Ecuador. Esta iniciativa propone emplear información dentro de una misma región génica (gen mitocondrial del Citocromo c Oxidasa I = COI), en todas las especies vivientes y con condiciones de secuenciación universalmente aceptadas y estandarizadas. Esta herramienta científica no pretende sustituir la taxonomía alfa y la filogenia, sino más bien agilizar las tareas de identificación, especialmente en el campo de la Biomedicina (identificación de patógenos, parásitos y vectores), el control de plagas (cualquiera sea su estado de desarrollo ontogenético), detección de especies invasivas, estudios sobre conservación de la biodiversidad y sanción de delitos ambientales. La integración del «Código de barras del ADN», el trabajo de campo, las colecciones de museos y la investigación científica resultan imprescindibles para que esta herramienta redunde en avances significativos en la generación de bioconocimiento en el Ecuador.

Palabras claves: diversidad biológica, conservación, complejidad taxonómica, Código de Barras de ADN, gen mitocondrial COI, bioconocimiento.

Abstract

Ecuador is considered a mega-biodiverse country by its high species richness in several biological groups, however even the total number of these species is unknown, in part because of the lack of budget for doing research, taxonomic complexity and the relative isolation of the country in relation to global scientific initiatives. We are convinced that only the creation of a species identification system that includes the specimen "voucher", tissue samples and barcodes sequences allow determine the true biological richness of Ecuador. This manuscript deals with some issues of the DNA barcode initiative, focusing on its potential applications to conservation of the biological diversity of Ecuador. This initiative proposes using information within the same gene region (Cytocrome c Oxidase I= COI mitochondrial gene), in all living species and under standard conditions of sequencing. DNA Barcoding does not attempt to replace alpha taxonomy or phylogeny, but this will allow accelerate the task of identification, particularly, in the fields of Biomedicine (identification of pathogens, parasites and vectors), Pest Control (in all ontogenetic stages), detection of invasive species, studies on Biodiversity Conservation, and for prosecution of environmental crimes. The integration of «DNA barcode», field work, collections of museums and scientific research are essential to make a fruitful impact on the bioknowledge generation in Ecuador.

Keywords: biological diversity, conservation, taxonomic impediment, DNA Barcoding, COI mitochondrial gen, bioknowledge.

Forma sugerida de citar: Altamirano, M. y P. Yáñez. 2016. **El código de barras de ADN(barcoding): Una herramienta para la investigación y conservación de la diversidad biológica en el Ecuador.** La Granja: Revista de Ciencias de la Vida. Vol. 23(1): 5–13. ISSN: 1390-3799.

1 Introducción

La diversidad biológica es, en esencia, la variedad de la vida que sostiene a nuestro planeta. Este concepto fue acuñado en 1985 por el famoso ecólogo-entomólogo Edward O. Wilson e involucra varios niveles de organización biológica, desde especies (plantas, animales, hongos, microorganismos) que comparten un espacio en un tiempo determinado, su variabilidad genética, así como las diferentes variedades de comunidades, ecosistemas y biomas donde viven estas especies. Además, también incluye los procesos ecológicos y evolutivos que moldean la composición, estructura y función de estos niveles de organización biológica (Kim y Byrne, 2006; Pérez-Schultheiss, 2009).

Estudiar cómo estos tres atributos (composición, estructura y función) de las especies pueden cambiar espacial y temporalmente, influenciados por factores antrópicos o estocásticos, ha sido el reto permanente de los naturalistas, biólogos y ecólogos desde los tiempos de Charles Darwin y George Wallace, quienes analizaron e infirieron los procesos ecológicos y evolutivos que promueven el incremento/disminución de la diversidad biológica y cómo ésta se distribuye en el planeta.

En la actualidad no cabe la menor duda de que la diversidad biológica es esencial para la sobrevivencia y bienestar económico de la humanidad debido a los bienes y servicios que nos proporcionan los ecosistemas funcionalmente estables (Singh, 2002; Yáñez, 2014a).

En teoría existen artificios matemáticos y estadísticos con implicaciones ecológicas y evolutivas que permiten medir y mapear la diversidad biológica a diferentes escalas de análisis. La diversidad *alfa* por ejemplo mide las especies presentes en una localidad, mientras que la diversidad *beta* mide el recambio de especies de una localidad a otra, y la diversidad *gamma* en cambio mide las especies presentes en una región/bioma (Margules y Pressey, 2000; Mace, 2004; Yáñez, 2014a). Las dos primeras son el resultado de procesos ecológicos, mientras que la tercera deriva de procesos evolutivos que involucran aspectos de historia natural e historia geológica. Sin embargo, para caracterizar adecuadamente estos diferentes tipos de diversidad, no hay que olvidar que primero es necesario conocer la identidad de las especies; trabajo que según (Pimm y Lawton, 1998; Giangrande, 2003) debe ser realizado por taxónomos.

Según (Green, 1998), una gran cantidad de especies permanecen desconocidas. Se calcula que en la Tierra se han descrito alrededor de 1,7 millones de organismos vivos; sin embargo, estimaciones realizadas indican que el número mundial de especies podría ser de aproximadamente 10 millones (Wilson, 2000, 2004). Es decir, nuestro conocimiento de la diversidad biológica se basa en menos del 20 % de

lo que realmente existe (Kim y Byrne, 2006) y en consecuencia existe una alta probabilidad de que muchas de estas especies podrían extinguirse aún antes de que sean descubiertas (Pimm y Raven, 2000).

Algunas estimaciones sugieren que a una tasa de descripción que históricamente ha sido de 7000 especies por año ¡nos tomaría 1429 años completar el inventario de la vida! Sin embargo, se ha sugerido que con el desarrollo de nuevas herramientas de análisis y tecnologías, este lapso de tiempo podría reducirse a 25 años (Wilson, 2004; Kim y Byrne, 2006; Pérez-Schultheiss, 2009).

Desde hace algunos años, pero principalmente en la última década, los análisis moleculares han demostrado ser muy eficientes y eficaces para resolver problemas taxonómicos en grupos crípticos, dilucidando así la filogenia y la filogeografía de las especies y fortaleciendo la sistemática y ecología como disciplinas científicas complementarias (Lanteri, 2007). Sin embargo, los métodos moleculares tradicionales no son estandarizados y se requiere de mucho tiempo y presupuesto para realizar los análisis (Hebert *et al.*, 2003a).

Si bien es cierto que la idea de utilizar secuencias de ADN específicas para la identificación rápida de especímenes no es fundamentalmente nueva (Moritz y Cicero, 2004), lo que es innovador del Código de Barras de ADN es que propone usar información dentro de una misma región génica, en todos los taxones y con condiciones de secuenciación universalmente aceptadas y estandarizadas y a una relación costo-eficiencia relativamente bajo. Además, el protocolo destaca la necesidad de relacionar esta información con ejemplares “vouchers” depositados en museos (Lanteri, 2007). (Hebert *et al.*, 2003a,b) lo definen como un “identificador universal” de especies que utiliza una región génica estándar/universal de 648 pares de bases en el Cito Cromo Oxidasa 1 Mitocondrial (COI) que está presente en todos los organismos y que es lo suficientemente variable y específico para cada especie animal.

El uso del COI está resultando muy eficaz en la identificación de aves, mariposas, anfibios, peces, moscas y otros grupos de animales (Hebert *et al.*, 2003a,b); sin embargo, su universalidad es controvertida cuando se trata de plantas superiores, donde el COI es altamente invariante ya que evoluciona muy lentamente (Moritz y Cicero, 2004). La alternativa ha sido emplear dos regiones de genes en el cloroplasto (matK y rbcL) consideradas como las regiones estándar/universales para este grupo de organismos (Chase *et al.*, 2005; Lanteri, 2007).

Controversial o no, el Ecuador básicamente está aislado y al margen de toda esta iniciativa científica mundial que promueve la colaboración internacional de museos de historia natural, herbarios, repositorios de material biológico

co, sitios de estudio de inventarios biológicos, entre otros, en estrecha colaboración con expertos y/o especialistas en genómica, taxonomía, electrónica y ciencias de la computación, principalmente.

Por lo tanto, el objetivo de este artículo es el de sumarse a esta iniciativa y buscar promover el uso del Código de Barras de ADN como una línea y/o herramienta de análisis e investigación para estudios de la diversidad biológica, así como empezar el análisis de sus implicaciones en conservación, su impacto dentro de la sociedad y su contribución para delimitar un marco legal que permita sancionar delitos ambientales.

2 Resultados y discusión

A pesar del creciente y exitoso uso del Código de Barras de ADN en la última década, principalmente en proyectos de investigación y conservación de la diversidad biológica efectuados en diferentes escalas de análisis, existen algunos investigadores que todavía subestiman los verdaderos alcances que tiene y los aportes que esta herramienta está realizando al conocimiento científico de la vida silvestre a nivel mundial. Solo el hecho de que contribuye a determinar el estatus taxonómico de una especie mediante el análisis de una secuencia corta de ADN de condiciones uniformes en un sitio específico del genoma, es de por sí un paso enorme para la ciencia.

En general, un proyecto de Código de Barras de ADN de la Vida Silvestre debe involucrar:

Los especímenes: presentes en museos de historia natural, herbarios, zoológicos, acuarios, colecciones de tejidos congelados, bancos de semillas, colecciones de cultivos tipo y otros repositorios de materiales biológicos; todos ellos constituyen un conjunto muy valioso de especímenes a veces ya identificados, a veces todavía por identificarse.

Los análisis de laboratorio: los protocolos de laboratorio para obtener secuencias de código de barras de ADN de estas muestras no son complicados. Los laboratorios de biología molecular mejor equipados pueden producir una secuencia de código de barras de ADN en unas pocas horas.

La Base de Datos: es uno de los componentes más importantes en una Iniciativa de Código de Barras, esta base se fundamenta en la construcción de una biblioteca de referencia pública de identificadores de especies que podrían ser utilizados para asignar especímenes desconocidos a especies conocidas. Actualmente, hay

dos bases de datos principales del código de barras que cumplen este papel:

- La base de datos de secuencias de nucleótidos de colaboración internacional es una asociación entre el GenBank en USA, el Laboratorio Europeo de Biología Molecular y el Banco de Datos de ADN de Japón.
- La base de datos del Código de Barras de la Vida (BOLD) fue creado y es mantenido por la Universidad de Guelph en Ontario.

El análisis de datos: los especímenes se identifican efectuando una búsqueda del registro referencial más cercano/parecido que se encuentra en la base de datos. El Grupo de Trabajo de Análisis de CBOL (*Consortium for the Barcode of Life*) ha creado el portal del Código de Barras de la Vida, el cual ofrece a los investigadores nuevos y más flexibles formas de almacenar, gestionar, analizar y publicar sus datos.

A continuación se realiza un análisis de las principales fortalezas de esta herramienta científica bajo tres criterios primordiales: a. Investigación para la conservación de la diversidad biológica del Ecuador, b. Socialización, acceso y democratización del bio-conocimiento y, c. Como herramienta técnico-científica de peritaje en delitos ambientales.

2.1 Investigación para la Conservación de la Diversidad Biológica

- El Código de Barras de ADN trabaja con fragmentos de material biológico:* ésta es una de sus principales virtudes, ya que permite la identificación de las especies inclusive a partir de material biológico incompleto, dañado o en estado inmaduro. Por tanto, las implicaciones que se derivan de ello en campos como el de la investigación, conservación, manejo y control de fauna y flora silvestres son muy importantes.
- Cacería furtiva y tráfico de especies de flora y fauna en Ecuador,* al igual que en muchos de los países en vías de desarrollo, existe un mercado negro de especímenes de vida silvestre que alienta el tráfico de animales y plantas o de sus elementos constitutivos (carne, huesos, plumas, huevos, larvas, pieles, uñas, cuernos, picos, semillas, plántulas), de los cuales se fabrican una serie de artículos o simplemente son consumidos como proteína. El Código de Barras de ADN puede detectar e identificar cuáles son las especies que están bajo mayor presión de tráfico a partir del análisis de estos elementos

constitutivos. Un caso específico que podría ser resuelto con el uso de esta herramienta es la pesca ilegal del pepino de mar y el aleteo de tiburón en las Islas Galápagos: una vez creada la BIBLIOTECA DE CÓDIGO DE BARRAS de las especies endémicas, nativas, terrestres y marino-costeras de las Islas, sería fácil implementar un sistema de monitoreo y control de las rutas y destinos finales de estos recursos biológicos, muestreando por ejemplo todos los mercados que vendan productos de mar a lo largo de las costas de Ecuador y países vecinos.

- c. *Identificación de plagas que afectan cultivos (Seguridad Alimentaria)*: es conocido que las plagas que afectan a una gran variedad de cultivos en zonas andino-tropicales son regularmente huevos, larvas o propágulos de insectos, bacterias y hongos, que son mucho más difíciles de identificar debido al estadio temprano de desarrollo, o porque son organismos poco estudiados y complejos sobre los cuales no existe casi información, o simplemente porque no existe el especialista (Taxónomo) que pueda identificarlos. El Código de Barras de ADN podría dilucidar este problema sin contratiempos, ya que la región génica estándar/universal no cambia en ninguna de las fases de desarrollo de la especie; por lo tanto, la especie plaga puede ser identificada a partir de sus larvas, huevos o propágulos.
- d. *Detección temprana y control de especies invasivas*: uno de los mayores retos para los Sistemas de Control y Cuarentena de especies introducidas es detectar e identificar las potenciales especies invasivas y las rutas de invasión utilizadas más frecuentemente. Las especies invasivas se caracterizan por colonizar fácilmente sistemas biológicos insulares y se dispersan rápidamente formando poblaciones viables en todas las rutas de invasión. El Código de Barras de ADN puede identificar la población de origen de las especies invasivas y, por lo tanto, la potencial ruta de invasión; con esta información los Sistemas de Control y Cuarentena pueden prevenir que continúen las invasiones a ecosistemas importantes pero muy frágiles como las Islas Galápagos.
- e. *Estudios de ecología trófica*: la aplicación del Código de Barras de ADN en estudios ecológicos es crucial, principalmente en los estudios de las interacciones entre los organismos dentro de la cadena trófica. Por ejemplo, la determinación de la dieta alimenticia, mediante el análisis del contenido estomacal, de un depredador nativo, endémico o introducido suele ser una tarea difícil de realizar, porque dependiendo del grupo taxonómico los individuos consumidos por un depredador están parcial o totalmente digeridos/degradados: es decir, generalmente solo se puede encontrar dentro del tracto digestivo del animal analizado a partes del cuerpo o una masa gelatinosa de tejidos, lo cual minimiza las posibilidades de identificación de la especie presa, así como de la frecuencia de su consumo por parte del depredador. Las implicaciones de este tipo de estudios en la conservación de la diversidad biológica de sistemas insulares oceánicos (Islas Galápagos, Isla de La Plata) o continentales (ecosistemas nativos aislados) son críticas, ya que nos permitirían determinar cualitativa y cuantitativamente los impactos causados por depredadores invasivos sobre los tres atributos principales de organización biológica: estructura, composición y función de las especies.
- f. *Diferenciando especies crípticas*: el Código de Barras de ADN puede distinguir la identidad taxonómica de una especie dentro de un complejo de especies crípticas. Usualmente muchas especies morfológicamente similares tienen un rango amplio de distribución geográfica y aunque se podría inferir que algunas de sus poblaciones distribuidas a lo largo de este gradiente geográfico/latitudinal tienen sus propias trayectorias ecológicas y evolutivas, no se ha logrado dilucidar si han sufrido suficientes cambios como para ser categorizadas a nivel específico y/o subespecífico. Son muchos los ejemplos en la fauna y flora donde de una “sola especie” se han logrado identificar dos o más identidades taxonómicas diferentes, lo cual es una contribución muy significativa para el conocimiento y real estimación de la biodiversidad local, regional y continental. En nuestro país, en los últimos años, la descripción de nuevas especies de anfibios y reptiles ubicadas inicialmente en complejos de especies crípticas (por su similitud fenotípica) es muy notorio.
- g. *Desenmascarando especies ocultas*: existen casos en los cuales se puede generalizar el nivel de toxicidad o parasitismo de una especie dañina a un grupo de especies cercanas taxonómicamente, sin que esto se necesariamente verdad; por tanto, resulta crucial identificar con exactitud cuáles son las especies perjudiciales y cuales no para la salud o el bienestar humanos o de otras especies útiles o emblemáticas; dicho de otra manera: desenmascarar especies que parecen inofensivas pero que realmente son nocivas para otras especies y/o para el ser humano. Tal es el caso del mosquito *Anopheles*, vector de transmisión de la malaria humana, presente en Ecuador: de las 450 especies conocidas dentro de este género, apenas unas cuantas transmiten la enfermedad. Otro caso interesante es el de la enfermedad conocida como “Fiebre Chikungunya”, reportada en el país hace unos meses y cu-

yo vector de transmisión aparentemente es el mosquito *Aedes aegypti*. Este tipo de estudios se vuelven fundamentales cuando los organismos expanden su distribución geográfica horizontal o altitudinalmente, debido al Calentamiento Global del Planeta.

2.2 Socialización, acceso y democratización del bio-conocimiento

- a. *El uso del Código de Barras de ADN reduce la ambigüedad de la información sobre el estado de conservación de especies y ecosistemas:* la creación de bibliotecas digitales de códigos de barras de ADN de especies endémicas, nativas e introducidas en áreas protegidas públicas (SNAP, PANE entre otras) y privadas (Red de Bosques Privados, por ejemplo) o en ecosistemas frágiles, proveerán una base de datos científica referencial que facilitará la correcta identificación de las especies, su fluctuación poblacional y distribución geográfica a diferentes escalas de análisis espacio-temporal. Inclusive, nos permitirá determinar la dinámica de procesos ecológicos y evolutivos derivados del Calentamiento Global que están provocando la disminución poblacional y extinción de especies tales como anfibios y reptiles; y en otros casos medir el avance o retroceso de especies invasivas, principalmente en ambientes insulares. Es decir, nos permitirá realizar un análisis espacio-temporal del impacto de factores estocásticos y antrópicos sobre la diversidad biológica y ecológica a diferentes niveles de organización. Esta información se torna crucial en la elaboración de planes de manejo y programas de investigación para la conservación de la diversidad biológica del Ecuador.
- b. *Incremento y mejoramiento del conocimiento sobre la Diversidad Biológica:* la existencia en el Planeta solo de alrededor de 1,7 millones de especies bien identificadas limita, aún, a los expertos y/o especialistas a realizar identificaciones morfológicas solo de una pequeña parte, principalmente de los reinos animal y vegetal. Se estima que faltan por ser bien identificadas varios millones de especies más; por lo tanto, los investigadores deberían equiparse o ser equipados con una herramienta tan fuerte como el Código de Barras de ADN (y el conocimiento, la tecnología e infraestructura que esto amerite) para acelerar la identificación de los especímenes incompletamente identificadas que reposan en museos y herbarios de historia natural y de las potenciales nuevas especies que se espera coleccionar e identificar en un futuro cercano. En países como Ecuador, considerado mega-biodiverso (debido a que posee entre el 10 y 16% de la diversidad biológica mundial) pero al mismo tiempo con presiones

sociales y económicas permanentes; el acelerar la tasa de descripción de nuevas especies es un reto con muchas implicaciones, pero que debe realizarse de manera inmediata.

- c. *Democratiza el acceso a la información científica:* tener una biblioteca estandarizada de Códigos de Barras de ADN permitirá que mucha más gente, no exclusivamente investigadores y/o científicos, pueda reconocer y llamar por su nombre a las especies que existen en su entorno. Esto hará posible la identificación de especies sin importar que estas sean abundantes, raras, endémicas, nativas o invasivas. De esta manera mayor número de personas podrán apreciar y entender el valor de la diversidad biológica a diferentes escalas: local, regional, continental y global.
- d. *Demostrar y fortalecer el valor de las colecciones científicas de historia natural:* la creación de una Biblioteca de Código de Barras de ADN comienza con la recopilación de información y material biológico de cientos de miles y/o millones de especímenes almacenados en museos, herbarios, jardines botánicos, zoológicos, centros de rescate y otros repositorios de material biológico. Sacar a luz la importancia de estos repositorios de material genético permitirá que estas instituciones científicas reciban el reconocimiento y el apoyo financiero para cumplir con sus objetivos, a veces poco valorados, de preservar y custodiar la biodiversidad de la Tierra y en general cuidar de este patrimonio de la humanidad.
- e. *Elaboración de una enciclopedia de biodiversidad del Ecuador:* contar con una Biblioteca de Códigos de Barras de ADN unida y/o enlazada a los centros de preservación de especímenes “vouchers” y a su nomenclatura científica actualizada en los repositorios de material biológico, promoverá el acceso público al bioconocimiento. De esta manera, se puede crear una enciclopedia de la biodiversidad del Ecuador en línea con información de cada una de las especies de flora y fauna existentes en los diferentes ecosistemas del país.

2.3 Herramienta de peritaje en delitos ambientales

La pesca y la cacería ilegal, así como la comercialización y consumo de los especímenes capturados, en ecosistemas y áreas protegidas de vital importancia para la conservación de la diversidad biológica tales como los bosques húmedos tropicales, los bosques secos, los páramos húmedos y las Islas Galápagos, son difíciles de evidenciar y sancionar de acuerdo a la normativa legal ambiental. Similar caso sucede

con el mercado negro de especies silvestres o sus elementos constitutivos (carne, huesos, plumas, huevos, larvas, pieles, uñas, cuernos, picos, semillas, plántulas), su comercialización ha sido una actividad lucrativa y a veces el *modus vivendi* de muchos habitantes de las zonas rurales del país. La captura, caza y extracción de animales y plantas del medio silvestre para el comercio constituyen la segunda amenaza para la supervivencia de especies de fauna y flora, después de la destrucción de su hábitat. Tanto es así, que el tráfico de animales y plantas silvestres es el tercer mayor comercio ilegal del mundo, superado sólo por el tráfico de drogas y de armas.

En este escenario, es donde el uso del “Barcoding” se vuelve crucial para sancionar los delitos ambientales ya citados; por lo tanto, esta herramienta de análisis sería la base del peritaje legal que las instituciones pertinentes del Estado deberían realizar. Es obvio que se trata de un trabajo en equipo que incluiría a las autoridades/especialistas del Área Protegida o de la región geográfica de interés: Policía Ambiental, Ministerio de Ambiente a través de los puntos focales CITES y Diversidad Biológica, Fiscalía Ambiental, entre otros.

3 Conclusiones y Recomendaciones

El enfrentar una crisis de conservación de la diversidad biológica a nivel mundial, pero particularmente a nivel local o regional, amerita diferentes enfoques de análisis de sus causas y consecuencias. En países considerados megabiodiversos como el nuestro la generación de bioconocimiento es todavía insuficiente, aunque se ha incrementado ostensiblemente en las últimas dos décadas, como para poder cuantificar la verdadera riqueza biológica que poseemos en Ecuador y dimensionar la importancia de los procesos ecológicos y evolutivos en los diferentes niveles de organización biológica. Por lo tanto, el desarrollo y uso progresivo del “Barcoding” en Ecuador atacaría y/o redundaría en la solución de los siguientes problemas:

3.1 Falta de una política de investigación pública y privada que estimule y financie proyectos de investigación/aplicación del Código de Barras de ADN (Barcoding) de la vida silvestre

Si bien es conocido que el presente gobierno ha declarado a la diversidad biológica como un recurso estratégico para el desarrollo del país, poco es lo que realmente se ha invertido en cumplir con este objetivo. La necesidad de generar el “Inventario Nacional de Biodiversidad” que incluya

ecosistemas terrestres, acuáticos y marinos, se vuelve cada vez más críticamente necesaria. Un verdadero inventario debe incluir el espécimen *voucher*, muestras de tejidos, por lo menos la secuencia 3’-5’ (COI) del Código de Barras de ADN de la especie y datos ecológicos y biogeográficos asociados; los cuales deben ser depositados y custodiados en Museos de Historia Natural, Herbarios y Repositorios de Material Genético que posean una excelente infraestructura física y técnica, con personal técnico-científico capacitado y que cumpla con estándares internacionales.

Dentro de este contexto, proyectos sobre *Barcoding* de especies endémicas y/o amenazadas (según los criterios UICN o CITES), o que estén presentes en ecosistemas reconocidos a nivel mundial como Galápagos, se convierten en prioridad.

3.2 Falta de datos

Datos confiables sobre la diversidad taxonómica y ecológica siguen siendo insuficientes (Yáñez, 2014b). Es conocido el sesgo biogeográfico que existe en el país, en el que pocas regiones han sido ampliamente estudiadas y cuentan con grandes colecciones científicas de historia natural, mientras que de otras casi no existe información. Igual situación sucede con algunos grupos taxonómicos sobre los cuales todavía existen grandes vacíos de información como en insectos, reptiles, anfibios, en relación con otros mejor estudiados como aves y mamíferos sobre los cuales se tiene importante información. Desafortunadamente, la mayoría de las colecciones científicas de historia natural realizadas hasta la década de 1980-1990 carecen de muestras de tejidos y secuencias de *Barcoding*, lo que dificulta tener un verdadero inventario de las diferentes localidades y regiones del país. Proyectos para coleccionar nuevos *vouchers* y muestras de tejidos, de los cuales se pueda obtener las secuencias 3’-5’ (COI) del Código de Barras de ADN de las especies, deben ser realizados.

3.3 Falta de masa crítica de investigadores en esta línea de investigación

Algunos especialistas como (Yáñez, 2014b) enuncian que una gran mayoría de empleados gubernamentales y no gubernamentales, tales como guardaparques, investigadores, técnicos de organizaciones conservacionistas, encargados de museos, herbarios, zoológicos, entre otros, están capacitados solo en forma parcial o limitada para afrontar los graves y a veces vertiginosos problemas de conservación de la diversidad biológica del país.

A este problema hay que sumar que el Código de Barras de ADN de la vida silvestre (*Barcoding*) es una herramienta

ta de análisis de la biodiversidad relativamente nueva en el mundo de la ciencia y que a pesar de su probada utilidad y eficacia en este tipo de estudios todavía no es ampliamente aceptada por la comunidad científica. Sin bien es cierto que no se necesita ser un experto en taxonomía o biología molecular para realizar los análisis de *Barcoding* de las especies, si se necesita una infraestructura física y técnica de última generación que permitan procesar y generar de manera confiable y rápida las secuencias del Código de Barras de ADN. En Ecuador, muchos investigadores desconocen lo que es el *Barcoding*, sus implicaciones y beneficios; por lo tanto, no existen especialistas/investigadores en este campo investigativo, a pesar de que a nivel latinoamericano ya se han realizado grandes avances en el uso del *Barcoding*, principalmente en Argentina, Brasil, México, Colombia con el aval institucional, científico y financiero del *Consortium for the Barcode of Life* (CBOL), el *International Barcode of Life* (IBOL), *Smithsonian Institute*, *University of Guelph*, entre las más importantes. A nivel de Estados Unidos, Asia y Europa, la generación de *barcodes* de la vida silvestre es impresionante y sigue en aumento.

3.4 La Falta de taxónomos o el “impedimento taxonómico”

La taxonomía es la ciencia encargada de clasificar y poner nombre a todos los organismos vivos que habitan nuestro Planeta. Los grandes vacíos en el conocimiento de la diversidad biológica, asociados a la disminución de la cantidad de taxónomos activos constituyen lo que se conoce como el “impedimento taxonómico”.

Por su naturaleza de ciencia principalmente descriptiva, actualmente la taxonomía es considerada como una disciplina poco competitiva y anticuada, por lo que ha perdido gran parte del apoyo financiero y político necesario para su desarrollo. Este abandono de la taxonomía también se ha revelado en las mallas curriculares universitarias, lo que actualmente produce generaciones de biólogos con una escasa comprensión de los métodos para la clasificación e identificación de organismos. La correcta identificación de los diferentes organismos que habitan un área es de vital importancia para su conocimiento, valoración y protección. Es complejo saber si una especie se extingue, a menos que se hayan realizado estudios científicos que involucren una correcta identificación taxonómica de la misma: es decir necesitamos todavía y con urgencia formar buenos taxónomos! Y si éstos están entrenados con el manejo adecuado del *Barcoding*, mucho mejor.

3.5 Falta de presupuesto

Al ser una línea de investigación básicamente desconocida para las instituciones del Estado responsables de promover y generar bioconocimiento, es difícil que ellas financien de manera específica proyectos para generar *barcodes* de la vida silvestre de Ecuador, mismas que involucrarían la realización de nuevas colecciones científicas, muestras de tejidos, secuenciación del 3'-5' COI, implementación de laboratorios moleculares de última generación, desarrollo de infraestructura física, entre otras. Las instituciones estatales, tales como la SENESCYT y otras, deberían efectuar para ello alianzas estratégicas con organismos tales como el CBOL, IBOL, Smithsonian Institute, University of Guelph, los cuales lideran a nivel mundial la generación de *barcodes* de la vida silvestre. Estos organismos/instituciones tienen fondos disponibles para estudios y proyectos de *Barcoding*; además, financian la implementación de laboratorios de biología molecular en los países donde se ha reconocido e incluido al *Barcoding* dentro de los programas de investigación prioritarios a nivel nacional.

Uno de los objetivos fundamentales sería que las instituciones estatales encargadas de incentivar la generación de bioconocimiento por sí mismas o en alianza con los organismos internacionales ya citados asignen un presupuesto exclusivo para proyectos de *Barcoding*; de esta manera se puede motivar a los investigadores ecuatorianos a desarrollar este campo de investigación: la generación de *barcodes* de la vida silvestre y a la vez formar y capacitar a nuevos talentos dentro de esta área pujante de la ciencia.

Referencias

- Chase, M., N. Salamin, M. Wilkinson, J. Dunwell, R. Kesannakurthi, N. Haidar y V. Savolainen. 2005. Land plants and DNA barcodes: short-term and long-term goals. **Phil. Trans. R. Soc. B.** 360: 1889–1895.
- Giangrande, A.. 2003. Biodiversity, conservation, and the “taxonomic impediment”. **Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems.** 13: 451–459.
- Green, S.. 1998. The taxonomic impediment in orthopteran research and conservation. **Journal of Insect Conservation.** 2: 151–159.
- Hebert, P., A. Cywinska, S. Ball y J. de Waard. 2003a. Biological identification through DNA bar codes. **Proc. R. Soc. B.** 270: 313–321.
- Hebert, P., S. Ratnasingham y J. de Waard. 2003b. *Barcoding animal life: cytochrome oxidase subunit 1 divergen-*

- ces among closely related species. **Proc. R. Soc. B.** 270 (Suppl. 1): S96–S99.
- Kim, K. y L. Byrne. 2006. Biodiversity loss and the taxonomic bottleneck: emerging biodiversity science. **Ecological Research.** 21: 794–810.
- Lanteri, A.. 2007. Código de Barras de ADN y sus posibles aplicaciones en el campo de la Entomología. **Rev. Soc. Entomol. Argent.** 66 (3-4): 15–25.
- Mace, G.. 2004. The role of taxonomy in species conservation. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London.** B 359: 711–719.
- Margules, C. y R. Pressey. 2000. Systematic conservation planning. **Nature.** 405: 243–253.
- Moritz, C. y C. Cicero. 2004. DNA barcoding: promise and pitfalls. **PloS. Biol.** 2: 1529–1531.
- Pérez-Schultheiss, J.. 2009. Biodiversidad, Taxonomía y el Valor de los Estudios Descriptivos. **Boletín de Biodiversidad de Chile.** 1(1): 1–14.
- Pimm, S. y J. Lawton. 1998. Planning for biodiversity. **Science.** 279: 2068–2069.
- Pimm, S. y P. Raven. 2000. Extinction by numbers. **Nature.** 403: 843–845.
- Singh, J.. 2002. The biodiversity crisis: a multifaceted review. **Current Science.** 82(6): 638–647.
- Wilson, E.. 2000. A global biodiversity map. **Science.** 289: 2279.
- Wilson, E.. 2004. Taxonomy as fundamental discipline. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London.** B 359: 739.
- Yáñez, P.. 2014a. Ecología y biodiversidad: un enfoque desde el neotrópico. **Quito: UNIBE/UIDE.** página 172pp.
- Yáñez, P.. 2014b. Un vistazo a la conservación Biológica del Ecuador. **Qualitas.** 7: 80–84.