

SEBBM DIVULGACIÓN

LA CIENCIA AL ALCANCE DE LA MANO



Uso de técnicas de Biología Molecular en las Ciencias Naturales

Luis Boto

Dpto. Biodiversidad y Biología Evolutiva – Museo Nacional Ciencias Naturales (CSIC)

Biografía

Formado en el Instituto de Investigaciones Biomédicas de Madrid, mi tesis doctoral se centró en el estudio de la modificación epigenética del desarrollo de *Dictyostelium discoideum*. Tras un corto PostDoc en el mismo Instituto, trabajando en la secuenciación del cluster génico implicado en la ruta de biosíntesis de actinorrodina en *Streptomyces coelicolor*, trabajé en el Dpto de Investigación de Antibióticos Farma, abordando diferentes problemas de ingeniería genética en microorganismos productores de antibióticos y de expresión de péptidos eucarióticos de interés farmacológico. Desde 1991 estoy en el Museo Nacional de Ciencias Naturales, involucrado en la utilización de técnicas moleculares en diferentes problemas de taxonomía, evolución, parentesco y conservación de especies. En la actualidad estoy interesado en el estudio de procesos y mecanismos que conduzcan a la aparición de novedades evolutivas. En este sentido, me interesa la transferencia génica horizontal y la hibridación interespecífica (como ejemplo de transferencia horizontal masiva), así como el estudio de las bases moleculares de la adaptación.

<http://www.sebbm.es/>

HEMEROTECA:

http://www.sebbm.es/ES/divulgacion-ciencia-para-todos_10/la-ciencia-al-alcance-de-la-mano-articulos-de-divulgacion_29

Resumen

Las técnicas moleculares, sobre todo aquellas basadas en amplificación por PCR y comparación de secuencias, se han incorporado a la caja de herramientas con que los estudiosos de las Ciencias Naturales abordan el conocimiento de la Biodiversidad, la Evolución, la Taxonomía y la Conservación de especies, y su presencia seguirá incrementándose en el futuro con la incorporación de nuevas técnicas.

Summary

In the last years, molecular methods (mainly those based in PCR and nucleic acids sequencing) have been incorporated to the naturalist's toolkit. Molecular markers have been used in taxonomic, evolutionary and biodiversity conservation studies. More markers and methods will be used by naturalists in a foreseen future.

Desde el siglo XVIII los naturalistas han venido utilizando caracteres morfológicos (color, tamaño, forma, etc.) para tratar de clasificar y estudiar los diferentes tipos de animales y plantas (1). Sin embargo, en la segunda mitad del siglo XX, con el conocimiento de que la información genética reside en el ADN, los marcadores moleculares, proteínas primero y secuencias de

ADN después, se introducen en los estudios de la naturaleza (2).

Tras una primera etapa marcada por la comparación de secuencias proteicas, estudios de hibridación de ADN de diferentes especies y análisis por electroforesis de las diferentes variantes de una enzima presentes en distintos individuos y organismos (aloenzimas), es a partir de la introducción de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (3) y la mejora y abaratamiento de las técnicas de secuenciación de ADN (4) cuando las técnicas moleculares se introducen de forma masiva en la rutina de los estudiosos de los animales y plantas.

La reacción en cadena de la polimerasa hace posible la obtención de ADN a partir de prácticamente cualquier fuente (animales y plantas vivos, animales y restos conservados en Museos, plantas conservadas en herbarios, animales en peligro de extinción o difíciles de capturar, etc.) al permitir amplificar específicamente pequeñas cantidades de ADN presentes en estas muestras. Por otro lado, las técnicas de secuenciación de ADN han evolucionado hasta permitir analizar de una forma rápida y a un coste económico razonable una gran cantidad de muestras, lo que permite abordar la comparación de diferentes secuencias de múltiples individuos de una población o de múltiples especímenes de diferentes especies. Ahora bien. ¿Para qué se emplean éstas técnicas en Ciencias Naturales?

Los estudiosos de animales y plantas buscan comparar diferentes individuos de una misma especie o individuos de especies diferentes, y tratar de establecer relaciones de proximidad entre ellos, bien a nivel poblacional en el primer caso, bien a nivel de relaciones entre especies y grupos taxonómicos en el segundo. En este sentido, el ADN como molécula que porta la información genética de los individuos, constituye un marcador de incalculable valor, ya que en principio puede permitir trazar las relaciones de todos los organismos vivos hasta la primera célula.

Por ello, la comparación de secuencias de ADN se ha convertido hoy en herramienta fundamental tanto de taxónomos como de estudiosos de la evolución, ya que permite establecer árboles filogenéticos (figura 1) que relacionan las diferentes especies (o poblaciones de una especie) entre sí.

En este sentido, cabe decir que el análisis de secuencias de ADN nuclear o de ADN mitocondrial proporciona una información ligeramente diferente y complementaria. Generalmente, el ADN mitocondrial, heredado por vía materna y de alta tasa de mutación, se utiliza para comparar poblaciones de una especie que han divergido recientemente, mientras que el ADN nuclear, se utiliza para comparar especies o géneros.

En los últimos años, el concepto de código de barras genético (BAR CODE) (5), basado en la comparación de la secuencia de una parte del gen que codifica para la subunidad 1 de la Citocromo oxidasa mitocondrial (COI), está ganando

adeptos, aunque también opositores, como una forma rápida de estudiar la biodiversidad del planeta al permitir identificar taxonómicamente ejemplares dudosos y describir especies crípticas (aquellas con idéntica morfología pero secuencias de COI diferentes y por tanto distintas).

Por otro lado, secuencias de ADN que contienen un alto número de repeticiones de un corto motivo, lo que se conoce como microsatélites, constituyen un buen marcador para la individualización de muestras, dada su alta variabilidad en cuanto a número de repeticiones, por estar dentro, generalmente, de secuencias no codificantes. En este caso, el principal problema es la identificación de microsatélites útiles para la especie en cuestión, que sean altamente variables, amplificables por PCR de forma reproducible y que a ser posible sirvan para otras especies próximas. Una vez solucionado el problema, el análisis por electroforesis de los fragmentos amplificados y que contienen el microsatélite de interés es una forma rápida de individualizar muestras.

Esta facilidad es la que ha potenciado su utilización extensiva en medicina forense y su utilización cada vez más extendida en las Ciencias Naturales, bien para establecer relaciones de parentesco entre individuos que permitan estudiar comportamientos reproductivos, bien para estudiar la variabilidad de las poblaciones naturales utilizando un alto número de marcadores independientes, lo que puede dar ideas acerca de su estado de conservación, viabilidad como poblaciones, etc.

Esta aplicación es particularmente útil a la hora de estudiar poblaciones y especies amenazadas, ya que es posible estudiarlas sin necesidad de capturar al animal o coleccionar la planta, pues el ADN puede ser amplificado, por ejemplo, a partir de muestras de pelo o heces. Con este conjunto de técnicas es posible también estudiar muestras de especímenes de Museo y Herbarios, lo que facilita la comparación con poblaciones desaparecidas, y es indudable que nuevas técnicas se irán incorporando progresivamente a las herramientas de los naturalistas en su exploración de la diversidad del mundo biológico.

Referencias

- 1.- Linnaeus, C. 1735 "Systema Naturae". Reimpresión en 1964 por B.de Graaf Ed.
- 2.- Avise, J. C. 2004 "Molecular markers, Natural History and Evolution" (II Edición). Sinauer Ed.
- 3.- Arnheim, N., Levenson, C. H. 1990 "Polymerase Chain reaction" Chemical Engineering News 36-47.
- 4.- Rodríguez-Tarduchy, G. 2009 "La secuenciación de ácidos nucleicos: una carrera contra reloj." http://www.sebbm.es/ES/divulgacion-ciencia-para-todos_10/la-secuenciacion-de-acidos-nucleicos-una-carrera-contrareloj_276
- 5.- Hebert, P. D. N et al. 2003 "Biological identifications through DNA barcodes". Proc. R Soc. London B. 270, 313-321

Figura- Arbol UPGMA de varias secuencias de COI de Artemia descargadas del GenBank. Salvo para el caso de Artemia sp., el resto agrupan como especies.

