

## LA EVALUACIÓN Y CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD: PERSPECTIVAS.

José Miguel Hernández

*Centro Investigaciones Citológicas, Valencia.*

### Presentación:

Podríamos definir la biodiversidad como el conjunto de los distintos organismos que pueblan la Tierra. Esta "diversidad de lo vivo" que se encuentra de forma natural en pleno dinamismo y continua evolución, constituye nuestro recurso más valioso, amenazado e inexplorado. El conocimiento, clasificación y conservación de esta riqueza biológica resulta imprescindible.

En este artículo se pretende dar una visión general del estado actual de conocimiento de esta biodiversidad, apuntar algunas técnicas utilizadas para su estudio, en particular las nuevas técnicas moleculares, y comentar algunas propuestas para su conservación.

### Estado actual del conocimiento de la biodiversidad:

En la actualidad se conocen alrededor de un millón y medio de especies. A pesar de esta enorme cifra se puede decir que apenas estamos empezando la catalogación de nuestra biodiversidad, ya que según estimaciones el número total de especies se elevaría a más de 100 millones.

Si bien los macroorganismos están ampliamente catalogados, la mayor riqueza biológica se encuentra en el mundo de los microorganismos del cual tan sólo se ha catalogado la milésima parte. De esta catalogación, llevada

a cabo por los taxonomistas, se encarga la Sistemática, que estudia la diversidad de los organismos y sus interrelaciones, incluyendo la identificación, nomenclatura y clasificación.

### Técnicas para la evaluación de la biodiversidad:

Los métodos tradicionales de recolección de muestras y análisis permiten la caracterización fenotípica y genotípica. En el caso de los microorganismos, esto se lleva a cabo a través de su cultivo en medios adecuados y posterior aislamiento. Estos procesos han sido extremadamente productivos en el aislamiento de moléculas valiosas (p.e. nitrilasas para la producción de acrilamida de elevada pureza imprescindible en cualquier laboratorio de biología molecular; xilanasas para la producción de alimentos optimizados para animales; esterasas para la síntesis de detergentes, sabores y productos farmacéuticos, etc...).

Los avances científicos en los últimos años han permitido desarrollar modernas tecnologías que complementan los métodos tradicionales y que permiten profundizar y acelerar el conocimiento de la biodiversidad.

Un ejemplo es el de las librerías de DNA "medioambiental", en el que se parte de muestras crudas (suelo, agua, etc...) que conservan toda su variedad biológica, y a partir de las cuales actualmente puede purificarse el DNA de toda la muestra y clonarlo (insertarlo) fragmentado en vectores apropiados para su expresión (conversión a moléculas de proteína) y análisis. Así pues, el conjunto de DNA clonado constituye una librería genética que ya sólo queda leer. Además, trabajar con DNA (genoma) presenta la ventaja frente a otro tipo de muestras biológicas de ser

especialmente resistente a los factores medio-ambientales. Esta técnica permite obviar los pasos de cultivo microbiano evitando así la pérdida de parte de la biodiversidad que conllevan teniendo además un acceso rápido y directo a nuevos genes y, por tanto, a nuevas moléculas que pueden ser interesantes desde un punto de vista básico y aplicado.

Si bien la mejor forma de caracterizar el DNA es su secuenciación (lectura), por razones económicas y de tiempo se hace imposible secuenciarlo por completo. Solamente el genoma de algunos organismos de elevado interés científico y el humano (Proyecto del Genoma Humano) han sido o están siendo secuenciados en su totalidad. Así pues para diferenciar entre genotipos, y en definitiva entre organismos de distintas especies y poblaciones, hoy en día se recurre principalmente al uso de los marcadores moleculares.

### **Técnicas basadas en marcadores moleculares:**

Los marcadores moleculares son regiones del DNA que presentan diferencias en lugares determinados del genoma entre unos organismos y otros. Puede tratarse de secuencias repetitivas cuyo número sea variable, fragmentos similares que al amplificarlos presenten distintos tamaños, o que puedan ser cortados en sitios distintos debido a cambios en la secuencia.

Estos marcadores nos proporcionan perfiles de múltiples sitios en el DNA que aportan una información importante para el conocimiento de los procesos, dinámica y función biológica de la biodiversidad en el ecosistema natural y en agricultura. Las aplicaciones principales de estos perfiles son el

establecimiento de identidades, determinación del parentesco así como la distinción entre genotipos. También nos proporcionan una valiosa información sobre cómo se origina la biodiversidad y cómo evoluciona, lo cual puede ser un elemento importante para su conservación ( estudios de filogenia, cercanía genética, flujo de información genética, etc...). En otro ámbito, cuando estos marcadores se encuentran cerca de un gen defectuoso desconocido que produzca una enfermedad genética, pueden ser muy útiles para la localización del gen responsable.

Otro tipo de evaluación genética de la biodiversidad es el análisis de genes que son distintos según la especie. Un ejemplo de esto es el análisis de la secuencia del gen 16S rRNA, una molécula característica de cada especie de organismos y que permite hacer por tanto la evaluación de la biodiversidad en una muestra. Un experimento utiliza este gen para aproximarnos a la diversidad microbiana en una muestra: tras obtener una librería de DNA a partir de una muestra de suelo del modo antes indicado, cuando se analizaron 45 genes 16S rRNA, 44 resultaron ser desconocidos. Un análisis más amplio de esta librería genética llevó a la estimación que incluía genes pertenecientes a cientos o miles de especies microbianas, en su gran mayoría desconocidas.

Aunque haya técnicas moleculares ya disponibles para la evaluación de la biodiversidad, las técnicas actuales presentan limitaciones teóricas y prácticas. Esto se debe al limitado número de marcadores moleculares bien definidos disponibles en la actualidad. Aún así, los métodos moleculares son útiles no sólo para la evaluación de la biodiversidad, sino también para su control y seguimiento.

En paralelo al desarrollo de estas técnicas moleculares de análisis genético, deberían producirse avances en los métodos tradicionales de cultivo de microorganismos, de manera que se puedan reproducir lo más fielmente posible las condiciones de sus hábitat naturales. La razón de esto es que muchas propiedades que hacen de esos organismos miembros importantes del mundo vivo, sólo se observan cuando se estudian en cultivos.

Es evidente que las técnicas reseñadas y otras que en un futuro inmediato irán apareciendo, abren ya unas magníficas perspectivas en cuanto a rapidez y precisión en el estudio de la diversidad biológica. Además, la cantidad de información que estas técnicas proporcionan está estimulando el desarrollo de métodos de análisis bioinformático adaptados a la naturaleza de los datos.

Sin embargo resulta paradójico que cuando apenas hemos empezado la catalogación de la "librería de la vida" esten desapareciendo varios miles de especies al año.

### **Conservación: ¿Fuego en la biblioteca?**

La pérdida de la biodiversidad se produce principalmente por la desaparición de sus hábitat naturales. De hecho, para llevar a cabo las estimaciones de la pérdida de especies por año se recurre básicamente a dos parámetros: la magnitud en la destrucción de un hábitat y la riqueza de especies por unidad de área en dicho hábitat. Pongamos un ejemplo publicado recientemente: cuantificada la deforestación de las selvas tropicales en un 0.8% al año, se estima que la extinción de especies será entre el 0.1 y 0.3% al año. Asumiendo que la biodiversidad se eleva a 14 millones de especies (probablemente muchas más) y que dos

tercios de la biodiversidad se encuentra en los bosques tropicales, la diversidad en los bosques tropicales estaría disminuyendo al ritmo de 14000-40000 especies al año (2-4 por hora). Los mismos autores hacen un cálculo similar para las poblaciones y calculan la pérdida en 1800 poblaciones por hora. Aunque estos datos son estimaciones, sirven para hacernos una idea de la magnitud del problema que presenta la deforestación de los trópicos y la progresiva destrucción de otras zonas ricas biológicamente como los arrecifes de coral o las islas oceánicas.

Algunos han comparado la situación actual con la de aquél que echando un vistazo por la antigua biblioteca de Alejandría se percató de que la estantería que inspecciona se está quemando. Una nave ya se ha quemado y a primera vista no parece que haya manera de apagar el fuego. ¿Qué hacer?. No hay tiempo de repasar todas las naves de la biblioteca para buscar los libros más valiosos, de manera que se apresta a coger al azar libros de diferentes secciones y los apila en una cesta. Así pues, mientras los esfuerzos por contener y controlar la destrucción de nuestra biodiversidad se llevan a cabo (apagar el fuego, o al menos contenerlo), se ha propuesto que tal vez sería el momento de tomar seriamente en consideración un método de salvamento similar al de la biblioteca en llamas. Este método de recolección por muestreo requeriría un sencillo entrenamiento previo de los equipos de recolección que congelarían las muestras en hielo, hielo seco o bien nitrógeno líquido para un almacenado a largo plazo. Se sabe que las semillas pueden germinar tras un largo periodo de congelación, que los microorganismos aguantan en

determinadas condiciones temperaturas muy bajas y que, como antes se ha comentado, el ADN es muy resistente a estos tratamientos. Tras el almacenado y descongelación, los taxonomistas se encargarían de hacer el análisis detallado y la clasificación de las muestras sirviéndose de las técnicas tradicionales y de las modernas técnicas moleculares antes citadas y otras nuevas que puedan surgir.

El coste de un programa de este tipo sería equiparable al del Proyecto del Genoma Humano. Sin embargo, solamente preservando *in vivo* una amplia representación de la biodiversidad en sus hábitat naturales, podremos sacar partido de estos museos congelados *in vitro*. Evidentemente el trabajo es inmenso, pero también lo serán los beneficios.

### **Bibliografía:**

Hughes JB, Daily GC, Ehrlich PR, (1997). Population diversity: its extent and extinction. *Science*, 278, 689-692

Short JM, (1997). Recombinant approaches for accessing biodiversity. *Nature Biotechnology*, 15, 1322-23

Benford G. (1992). Saving the "library of life". *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 89, 11098-11101

Angela Karp et al. (1997). Molecular technologies for biodiversity evaluation: opportunities and challenges. *Nature Biotechnology*, 15, 625-628

Palleroni NJ, (1997). Prokariotic diversity and the importance of culturing. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 72(1), 3-19

Colwell RR, (1993). Biodiversity: an international challenge. *FASEB J*, 7(12): 1107

Morell V, (1997). Biodiversity in a vial of sugar water. *Science*, 278,390.