ADN ambiental: vanguardia biotecnológica para detectar especies clave y conservar nuestra biodiversidad

Ortega-Andrade, H. Mauricio [1]

[1] *Grupo de Investigación en Biogeografía y Ecología Espacial (BioGeoE²), Universidad Regional Amazónica Ikiam, Tena, Ecuador*

Correo para correspondencia: mauricio.ortega@ikiam.edu.ec

Resumen

En menos de 50 años los avances biotecnológicos han permitido caracterizar molecularmente organismos por secuenciación genética, desde virus a especies consideradas extintas, de forma rápida, accesible y con equipos relativamente de bajo costo. El metabarcoding ADN ambiental (eDNA) es una técnica que abre la oportunidad de incorporar tecnología de vanguardia para generar información genética por secuenciación de siguiente generación, con el fin de, identificar múltiples organismos a partir de muestras de agua, suelo o aire, promoviendo la toma de decisiones rápidas en conservación de la biodiversidad. De esta manera, varias instituciones ecuatorianas han fortalecido con personal altamente calificado y equipamiento para cumplir el reto de secuenciar masivamente con fines de investigación. Esto ha permitido describir nuevas especies para la ciencia, integrando datos genéticos que permiten la detección de especies invasoras u organismos causantes de enfermedades emergentes, como el SARS-CoV-19. La toma de decisiones, en cualquier ámbito de la sociedad y con mayor sensibilidad en temas ambientales, debería estar basada en ciencia y datos. Por lo tanto, el uso de técnicas de secuenciación de siguiente generación y el fortalecimiento de capacidades de investigación debe ser una prioridad nacional, si aspiramos conservar nuestro más preciado recurso, que es la biodiversidad.

Palabras clave: Biodiversidad, Conservación, Metabarcoding genético, Secuenciación de Siguiente Generación.

Abstract

In less than 50 years biotechnological advances have made it possible to promote molecular characterization of organisms by genetic sequencing, from viruses to species considered extinct, quickly, accessible, and with relatively low-cost equipment. Environmental DNA metabarcoding (eDNA) is a technique that opens up the opportunity to incorporate cutting-edge technology to generate genetic information by next-generation sequencing, to identify multiple organisms from the water, soil, or air samples, promoting rapid decision-making in the conservation of biodiversity. Interestingly, several Ecuadorian institutions have been strengthened with highly qualified personnel and equipment to meet the challenge of performing massive sequencing for research purposes. This has allowed us to describe species that are new to science by integrating genetic data, and the detection of invasive species or organisms that cause emerging diseases, such as COVID-19. Therefore, the use of next generation sequencing techniques and the strengthening of research capacities must be a national priority, if we aspire to conserve our most precious resource, the biodiversity.

Keywords: Biodiversity, Conservation, Genetic Metabarcoding, Next Generation Sequencing.

Cómo citar este artículo: **Ortega, M., ADN ambiental: vanguardia biotecnológica para detectar especies clave y conservar nuestra biodiversidad. Catálisis Revista Digital. 2022. Vol 4. No 8. Miradas a la conservación en Ecuador: sostenibilidad, desarrollo e innovaciones. Páginas 40-43.**

Desde la descripción de la doble hélice en la estructura del Ácido Desoxirribonucleico (ADN) en 1953 [1], los avances biotecnológicos para descifrar el código genético de los organismos ha sido galopante, hasta lograr secuenciación ultra-rápida de genomas completos, inclusive con equipos portables [2, 3]. En contraste, a nivel global atravesamos una crisis de la biodiversidad, donde actividades relacionadas con la explotación y uso de los recursos naturales renovables y no renovables, como combustibles fósiles, deforestación, el incremento en la población humana o el cambio climático son consideradas como las principales amenazas sobre las especies y sus ecosistemas [4, 5].

En menos de 50 años, desde que la primera secuenciación genética fue realizada por Fredrick Sanger [6], los avances biotecnológicos han permitido caracterizar organismos molecularmente [7], desde virus a especies consideradas como extintas [8, 9], de forma rápida, accesible y con equipos relativamente de bajo costo [10]. La secuenciación genética provee información que tiene aplicaciones en medicina, agricultura, biología, salud, conservación, entre otras. Desde la perspectiva de la conservación, la caracterización genética permite generar bancos de datos con información sobre especies amenazadas de extinción [11]. La identificación de especies invasoras combinada con ciencia ciudadana [12], inventarios biológicos [13], hasta la detección de especies bajo alguna categoría de protección que son consumidas, cazadas, traficadas o forman parte de la pesca a nivel mundial [14] son herramientas muy extendidas hoy en día

Hay conceptos básicos relacionados con las técnicas de secuenciación, que nos permite analizar la gran biodiversidad de organismos. Por ejemplo, cuando obtenemos una secuencia única de regiones específicas del genoma de un determinado individuo, se conoce como código de barras genético (barcoding) y corresponde a tecnología de primera generación. Cuando la técnica permite secuenciar genéticamente a varios organismos en una misma muestra, entonces estamos aplicando secuenciación de siguiente generación (Next Generation Sequencing-NGS, del inglés). El metabarcoding es una técnica de secuenciación de material genético de regiones específicas del genoma que incluye varias especies en una muestra, mientras que la secuenciación de genomas completos de uno o varios individuos en comunidades bióticas, corresponde a la genómica o metagenómica, respectivamente.

Los organismos desprenden constantemente material orgánico al ambiente a través de su orina, heces, piel, pelos, etc., mismos que pueden ser capturados en una muestra para extraer y aislar ADN de regiones específicas para su secuenciación. A ésta técnica se conoce como metabarcoding ADN ambiental (Environmental DNA metabarcoding-eDNA, del inglés). El principio de la técnica es simple: Se obtienen millones de secuencias correspondientes a distintas especies de las cuales se capturó su ADN en una muestra ambiental, las cuales son comparadas con bases de datos de referencia genética, disponibles a nivel mundial (Genbank, EMBL-EBI, GIS-AID, etc.).

En Latinoamérica son aún escasos los trabajos para caracterizar la diversidad biológica a partir de ADN ambiental, y menos frecuente el uso de secuenciadores portables de siguiente generación. En Ecuador, durante los últimos 5 años varias instituciones han accedido a tecnología de vanguardia que han promovido, por ejemplo, la secuenciación masiva de muestras de COVID durante la pandemia [15], la estandarización de protocolos para la detección de especies invasoras,

CC BY SA

ISSN 2697 - 3537

como la trucha en ecosistemas amenazados en los Andes, la tilapia en los bosques tropicales de la Amazonía de Ecuador, o la detección del hongo chytridio (*Batrachochytrium dendrobatidis*) que es una de las potenciales causas de la declinación de anfibios a nivel mundial.

Asimismo, se ha demostrado que la combinación de técnicas moleculares, como el ADN ambiental junto al monitoreo tradicional (observaciones directas-indirectas, u otras) incrementa la capacidad de detectar especies en los ecosistemas. Así, el equipamiento, la generación de información y la compartición de datos son fortalezas que en Ecuador deben priorizarse, de tal manera que se minimice la dependencia de tecnologías que se encuentran fuera del país, que a la larga ralentizan los avances científicos e innovación nacional. El compartir equipos como secuenciadores o minimizar costos de operación podría ser un primer paso para el Ecuador.

Ecuador es uno de los países que mayor tasa de descubrimientos de nuevas especies tiene a nivel mundial, entre los que destacan el grupo de los anfibios [16], a la par del descubrimiento de compuestos bioquímicos con potenciales aplicaciones biomédicas relacionados con éstos [17]. Si el objetivo es cambiar la matriz productiva nacional, la biodiversidad se convierte en un recurso estratégico que debe ser conocido y conservado. La toma de decisiones en cualquier ámbito de la sociedad, donde se incluye lo ambiental, deber ser basado en ciencia y datos. Por lo tanto, el uso de técnicas de secuenciación de siguiente generación y el fortalecimiento de capacidades de investigación debe ser una prioridad nacional, si aspiramos conservar nuestro más preciado recurso: la biodiversidad.

¿Nuestro país está listo para dar el salto tecnológico y usarlo para conservar nuestra diversidad? La respuesta está a la vuelta de la esquina.

Referencias

[1] Watson JD, Crick FHC. Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. Nature. 1953;171(4356):737-8. doi: 10.1038/171737a0.
[2] Gorzynski JE, Goenka SD, Shafin K, Jensen TD, Fisk DG, Grove ME, et al. Ultrarapid nanopore genome sequencing in a critical care setting. New England Journal of Medicine. 2022;386(7):700-2.
[3] Barbé L, Scaheffer J, Besnard A, Jousse S, Wurtzer S, Moulin L, et al. SARS-CoV-2 whole-genome sequencing using Oxford Nanopore Technology for variant monitoring in wastewaters. Frontiers in Microbiology. 2022:1362.
[4] Salafsky N, Salzer D, Stattersfield AJ, Hilton-Taylor C, Neugarten R, Butchart SHM, et al. A Standard Lexicon for Biodiversity Conservation: Unified Classifications of Threats and Actions. Conservation Biology. 2008;22(4):897-911. doi: 10.1111/j.1523-1739.2008.00937.x.
[5] Betts J, Young RP, Hilton-Taylor C, Hoffmann M, Rodríguez JP, Stuart SN, et al. A framework for evaluating the impact of the IUCN Red List of threatened species. Conservation Biology. 2020;34(3):632-43. doi: 10.1111/cobi.13454.
[6] Sanger F, Nicklen S, Coulson AR. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. Proceedings of the national academy of sciences. 1977;74(12):5463-7.
[7] Byrska-Bishop M, Evani US, Zhao X, Basile AO, Abel HJ, Regier AA, et al. High-coverage whole-genome sequencing of the expanded 1000 Genomes Project cohort including 602 trios. Cell. 2022;185(18):3426-40. e19.

CC BY SA

ISSN 2697 - 3537

[8] Gómez-Carballa A, Bello X, Pardo-Seco J, Martinón-Torres F, Salas A. Mapping genome variation of SARS-CoV-2 worldwide highlights the impact of COVID-19 super-spreaders. Genome Research. 2020;30(10):1434-48.
[9] Seddon PJ, King M. Creating proxies of extinct species: the bioethics of de-extinction. Emerging Topics in Life Sciences. 2019;3(6):731-5.
[10] Wasfi A, Awwad F, Ayesh AI. Graphene-based nanopore approaches for DNA sequencing: A literature review. Biosensors and Bioelectronics. 2018;119:191-203.
[11] Stronen AV, Iacolina L, Ruiz-Gonzalez A. Rewilding and conservation genomics: how developments in (re) colonization ecology and genomics can offer mutual benefits for understanding contemporary evolution. Global Ecology and Conservation. 2019;17:e00502.
[12] Larson ER, Graham BM, Achury R, Coon JJ, Daniels MK, Gambrell DK, et al. From eDNA to citizen science: emerging tools for the early detection of invasive species. Frontiers in Ecology and the Environment. 2020;18(4):194-202.
[13] Senapati D, Bhattacharya M, Kar A, Chini DS, Das BK, Patra BC, editors. Environmental DNA (eDNA): A promising biological survey tool for aquatic species detection. Proceedings of the Zoological Society; 2019: Springer.
[14] French I, Wainwright BJ. DNA barcoding identifies endangered sharks in pet food sold in Singapore. Frontiers in Marine Science. 2022;9:836941.
[15] Márquez S, Prado-Vivar B, Guadalupe JJ, Becerra-Wong M, Gutierrez B, Fernández-Cadena JC, et al. SARS-CoV-2 genome sequencing from COVID-19 in Ecuadorian patients: a whole country analysis. MedRxiv. 2021;2021:1-18. doi: https://doi.org/10.1101/2021.03.19.21253620.
[16] Ortega-Andrade HM, Rodes Blanco M, Cisneros-Heredia DF, Guerra Arévalo N, López de Vargas-Machuca KG, Sánchez-Nivicela JC, et al. Red List assessment of amphibian species of Ecuador: A multidimensional approach for their conservation. PLOS ONE. 2021;16(5):e0251027. https://doi:10.1371/journal.pone.0251027.
[17] Morán-Marcillo G, Sánchez Hinojosa V, de los Monteros-Silva NE, Blasco-Zúñiga A, Rivera M, Naranjo RE, et al. Picturins and Pictuseptins, two novel antimicrobial peptide families from the skin secretions of the Chachi treefrog, Boana picturata. Journal of Proteomics. 2022;264:104633. doi: https://doi.org/10.1016/j.jprot.2022.104633.

CC BY SA

ISSN 2697 - 3537