

# Conocer y conservar la diversidad genética de la flora y fauna de Colombia

## Aportes al conocimiento de la información genética del país a partir de estrategias de conservación voluntaria: las Ecoreservas

### CONOCER LA BIODIVERSIDAD A TRAVÉS DEL ADN

Hoy, cerca de un millón de especies se encuentran bajo peligro de extinción, lo que representa un riesgo de pérdida de diversidad genética (IPBES, 2019). De ahí la urgencia de conocer la diversidad biológica en diferentes escalas, como los genes, para generar estrategias apropiadas para su conservación (Di Marco et al., 2018). Actualmente, los inventarios de la biodiversidad cuentan con herramientas como los códigos de barras de ADN (Ácido desoxirribonucleico; Hebert et al., 2003) para acelerar ese conocimiento. Estas son secuencias cortas y estandarizadas de ADN (Hebert et al., 2003; Grant et al., 2021) que pueden obtenerse de diferentes tipos de tejidos animales y vegetales (González y Arenas-Castro, 2017). La información que se obtiene del ADN sirve de referencia y puede ser publicada en bases de datos globales como la del Barcode of Life Data Systems (BOLD) (Ratnasingham y Hebert, 2007) o GenBank.

En Colombia, contar con información genética como esta ha permitido realizar control con especies que son objeto de tráfico ilegal (Mendoza et al., 2016), control sobre la venta de productos alimenticios fraudulentos (Lea-Charris et al., 2021), identificar vectores de malaria (Lopez-Rubio et al., 2016), entre otros. Lo anterior evidencia que la identificación de especies es uno de los usos más comunes de los códigos de barras de ADN. (Lawson Handley, 2015).

### ALIANZAS POR EL CONOCIMIENTO GENÉTICO DE LA BIODIVERSIDAD

Fortalecer el conocimiento y conservación de la biodiversidad tiene cada vez más relevancia e importancia para diferentes sectores de la sociedad. Por ejemplo, ha permitido generar alianzas

entre las empresas y plantear estrategias voluntarias en biodiversidad (Panwar, 2023), como es el caso de la experiencia de las Ecoreservas en Colombia. Durante el año 2022 se desarrollaron cuatro expediciones a cuatro regiones del país las cuales permitieron la caracterización genética, con códigos de barras de ADN, de la flora y fauna de áreas cercanas a áreas de operación del Grupo Empresarial Ecopetrol.

### CERRANDO BRECHAS DE CONOCIMIENTO PARA EL MANEJO DE LA FLORA Y FAUNA DE COLOMBIA

En el marco de este proyecto se destaca la importancia de los datos genéticos que no se habían reportado antes. Finalmente, también se resalta el número de especies con información genética generada y que son de interés particular para la conservación como las citadas en la convención sobre el Comercio Internacional de Especies Amenazadas de Fauna y Flora Silvestres (CITES) o amenazadas según las categorías de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN).

### CONOCER, CUIDAR Y USAR A PARTIR DE LOS DATOS GENÉTICOS

Contar con información genética recopilada en las expediciones de las Ecoreservas permite conocer la biodiversidad a escala molecular. Esto contribuye a la toma de decisiones informadas, que son de interés para diferentes actores y sectores, y tiene como objetivo conocer, cuidar, conservar, usar y monitorear la diversidad de especies de flora y fauna en diferentes ecosistemas. Generar datos genéticos como los códigos de barras de ADN representa una oportunidad costo-efectiva para contribuir al conocimiento y manejo de áreas de importancia para la conservación y el uso sostenible de la biodiversidad.

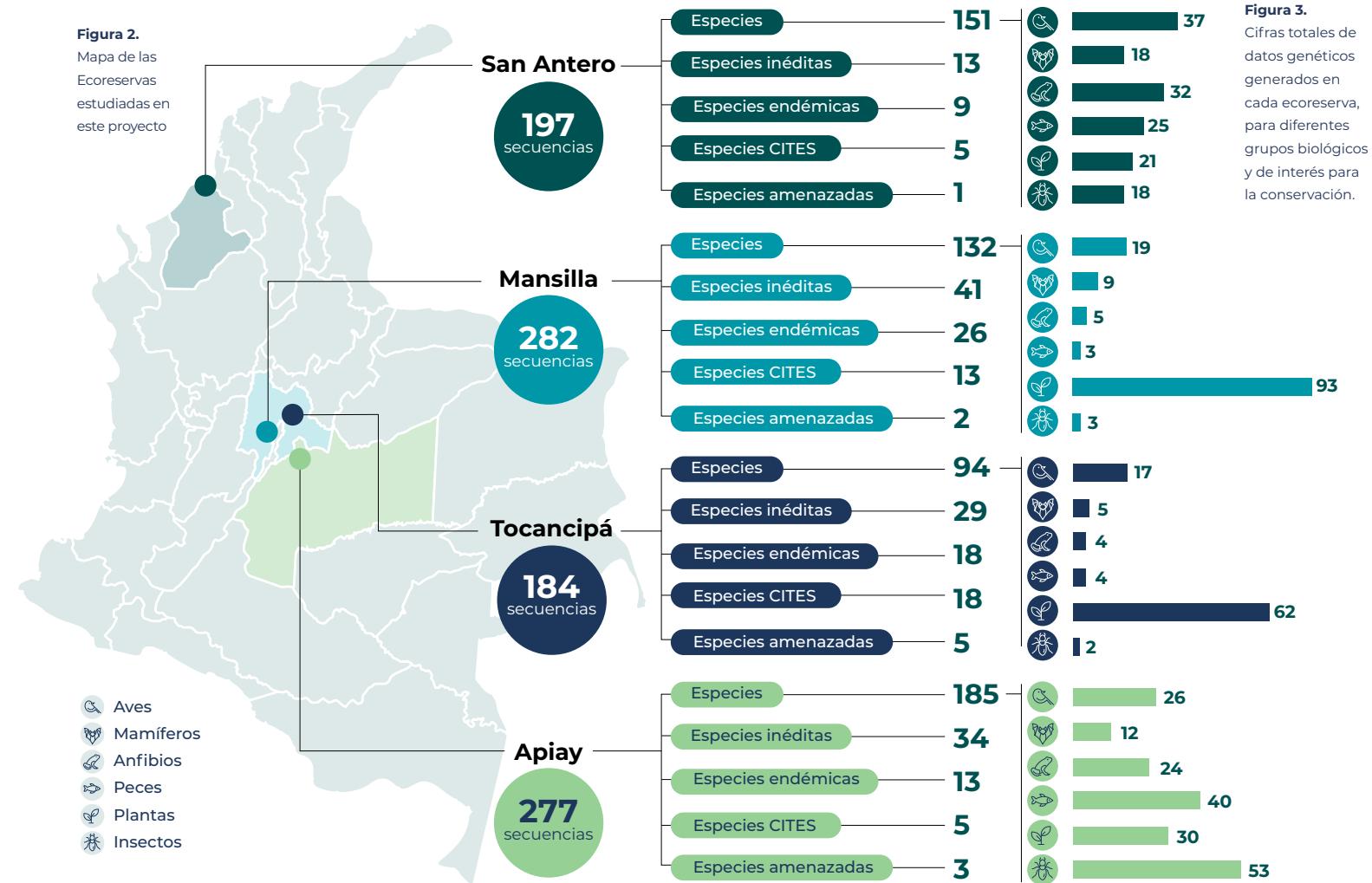


**Figura 1.** Ejemplo de especie de interés casi amenazada, CITES II y casi endémica, con el código de barras de ADN respectivo (COI) de la Ecoreserva Tocancipá. *Eriocnemis cupreiventris*. Fuente: foto de Felipe Villegas, Instituto Humboldt, 2018.

Como parte del proyecto **Ecoreservas**, se aportó **aproximadamente 1000 secuencias de ADN de flora y fauna en cuatro regiones del país, ayudando a cerrar la brecha de conocimiento de información genética de estos grupos en Colombia**

DATOS TOTALES	Secuencias	Especies	Especies inéditas	Especies endémicas	Especies CITES	Especies amenazadas
	940	528	112	58	37	10

**Figura 2.** Mapa de las Ecoreservas estudiadas en este proyecto



**Figura 3.** Cifras totales de datos genéticos generados en cada ecoreserva, para diferentes grupos biológicos y de interés para la conservación.



**Figura 4.** Análisis Comparativo del aporte total de información genética por cada grupo biológico de las Ecoreservas Mansilla, Tocancipá, San Antero y Apiay

### BIBLIOGRAFÍA

Di Marco, M., Venter, O., Possingham, H. P., y Watson, J. E. (2018). Changes in human footprint drive changes in species extinction risk. *Nature communications*, 9(1), 1-9.

Gonzalez, M. A., y Arenas-Castro, H. (Eds). (2017). *Recolección de tejidos biológicos para análisis genéticos*. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt.

Grant, D. M., Brodnick, O. B., Evankow, A. M., Ferreira, A. O., Fontes, J. T., Hansen, A. K., Jensen, M. R., et al. (2021). The Future of DNA Barcoding: Reflections from Early Career Researchers. *Diversity*, 13(7), 313. <http://dx.doi.org/10.3390/d13070313>

Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., y deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.

IPBES. (2019). *Summary for policymakers of the global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the Intergovernmental Science-Policy Platform on Biodiversity and Ecosystem Services*. IPBES.

Lawson Handley, L. (2015). How will the 'molecular revolution' contribute to biological recording? *Biological Journal of the Linnean Society*, 115(3), 750-766.

Lea-Charris, E., Castro, L. R., y Villamizar, N. (2021). DNA barcoding reveals fraud in commercial common snook (*Centropomus undecimalis*) products in Santa Marta, Colombia. *Heliyon*, 7(5), e07095.

Lopez-Rubio, A., Suaza-Vasco, J., Marcet, P. L., Ruiz-Molina, N., Caceres, L., Porter, C., y Uribe, S. (2016). Use of DNA barcoding to distinguish the malaria vector *Anopheles neivai* in Colombia. *Zootaxa*, 4175(4), 377.

Mendoza, Á. M., Torres, M. F., Paz, A., Trujillo-Arias, N., López-Alvarez, D., Sierra, S., ... y Gonzalez, M. A. (2016). Cryptic diversity revealed by DNA barcoding in Colombian illegally traded bird species. *Molecular Ecology Resources*, 16(4), 862-873.

Panwar, R. (2023). Business and biodiversity: achieving the 2050 vision for biodiversity conservation through transformative business practices. *Biodiversity and Conservation*, 1-7.

Ratnasingham S., y Hebert, P. D. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). *Molecular Ecology Notes*, 7, 355-364. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x>

### GLOSARIO

**Gen:** Es la unidad básica de la herencia y se transmite de los progenitores a la descendencia con la información necesaria para especificar los rasgos físicos y biológicos. Pueden variar su tamaño.

**Secuencia de ADN:** Es una "frase" de nucleótidos consecutivos (Adenina, Guanina, Timina, Citosina) que conforman el ADN.

**Código de barras de ADN:** Es una secuencia de ADN o gen mitocondrial o de cloroplastos, de tamaño corto, estándar y universal que permite diferenciar especies.