



NOTA DE PRENSA

@mncn_csic

www.mncn.csic.es

Los ejemplares tipo se utilizan para representar el arquetipo de cada especie

Proponen descodificar el ADN de los ejemplares tipo para mejorar nuestro conocimiento de la biodiversidad

- ◆ Conocer la información genética de los especímenes tipo puede revolucionar la investigación de la biodiversidad
- ◆ Esta información permitirá conocer mejor los ejemplares que representan a cada especie y hacerlos más accesibles a nivel mundial

Madrid, 12 de enero de 2026 Un equipo internacional de investigadores en el que participa el Museo nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC) aboga por la secuenciación selectiva y exhaustiva de los genomas de los especímenes tipo, es decir, los ejemplares de referencia representan a cada una de las especies animales y vegetales que se conservan en las colecciones de historia natural. En el artículo, publicado en *Systematic Biology*, subrayan la importancia de descifrar la información genética de los especímenes tipo para potenciar la investigación de la biodiversidad. Gracias a las tecnologías desarrolladas hasta ahora, se pueden crear gemelos digitales de los especímenes históricos de las colecciones de historia natural, es decir, archivos de imagen y datos que contienen toda la información de la pieza. La iniciativa pretende contribuir a preservar estos objetos irremplazables para las generaciones futuras y hacer accesible a escala mundial la información almacenada en ellos.



Por cada especie conocida, existe un espécimen tipo en colecciones científicas que se ha utilizado para describir y nombrar oficialmente la especie. El ADN de estos especímenes es invaluable para la investigación de la biodiversidad / Leibniz Institute for the Analysis of Biodiversity Change



Las colecciones de historia natural de todo el mundo albergan un tesoro sin explotar: el ADN de los llamados especímenes tipo. En algún lugar del mundo existe un espécimen de cada especie conocida -un animal, una planta o un fósil- que se ha utilizado para describirla y nombrarla oficialmente. “Estos objetos únicos y cuidadosamente conservados en las colecciones de museos e instituciones de investigación son la base de la nomenclatura biológica y de nuestra comprensión de las especies”, explica Harald Letsch, del Museo de Historia Natural y la Universidad de Viena. “Permiten identificar y clasificar adecuadamente a las especies, por lo tanto, descodificando sus genomas podemos entender mejor cómo se relacionan las especies entre sí, cómo evolucionaron y cómo podemos protegerlas”, continúa.

Muchos de los especímenes tipo tienen siglos de antigüedad, son frágiles y están en peligro debido a procesos de envejecimiento, almacenamiento inadecuado o desastres naturales. Afortunadamente, gracias a las nuevas tecnologías de secuenciación, ahora es posible extraer información genética incluso de objetos muy antiguos y frágiles sin destruirlos en el proceso. Con este artículo, los autores hacen un llamamiento para que los conservadores y los investigadores de los campos de la taxonomía y la genómica colaboren más estrechamente con el fin de aprovechar el enorme potencial de la genómica de tipos para la investigación de la biodiversidad.

Preservar la integridad física de los especímenes tipo suele estar reñido con su uso científico. Cualquier examen del espécimen físico o su préstamo a otras instituciones supone un riesgo. Tecnologías como la secuenciación de alto rendimiento basada en métodos de extracción de ADN mínimamente invasivos y la creación de los llamados gemelos digitales –imágenes de alta resolución con datos morfométricos e información genética– permiten poner a disposición de la comunidad científica la información relevante de estos especímenes tipo sin poner en peligro su preservación. Según explica Steffen Pauls, del Instituto de Investigación Senckenberg y del Museo de Historia Natural de Fráncfort: “Podemos obtener grandes cantidades de datos y luego compartir esta información globalmente sin tener que volver a alterar el espécimen original”.

«La creación de colecciones digitalizadas exhaustivas y ricas en datos a través de proyectos como como éste hace que la información sobre biodiversidad sea accesible para la investigación mundial y subraya el valor de las colecciones de los museos como infraestructura central de investigación y archivos vivos de la historia de la Tierra», añade la Dra. Jenna Moore, del Instituto Leibniz para el Análisis del Cambio de la Biodiversidad y el Museo de la Naturaleza de Hamburgo.

Para fomentar la colaboración entre conservadores, taxónomos e investigadores genómicos, el equipo está diseñando estrategias y alerta sobre los temas técnicos que se deben tener en cuenta para maximizar la recuperación de datos a partir de especímenes tipo minimizando el impacto de la extracción de ADN y otros procedimientos analíticos. “La colaboración es clave para optimizar tanto la calidad como la cantidad de los datos de los especímenes tipo. Lo ideal es que un espécimen tipo sólo se manipule físicamente una vez para obtener la mayor cantidad de información posible”, afirma Pauls.

Iker Irisarri, del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN-CSIC) y el Instituto Leibniz para el Análisis del Cambio en la Biodiversidad, subraya: «El establecimiento de catálogos interconectados de colecciones de historia natural puede acelerar la

descripción de nuevas especies y apoyar específicamente la conservación de la biodiversidad, siempre que los datos genómicos correspondientes sean de libre acceso».

“El suministro de información genómica a partir de especímenes tipo es un paso decisivo en la transformación digital de las colecciones de historia natural. Con la experiencia colaborativa y la tecnología moderna, podemos revolucionar la investigación y preservar el conocimiento biológico para las generaciones futuras”, concluye Harald Letsch.

H. Letsch, C. Greve, A. K. Hundsdoerfer, I. Irisarri *et al.* (2025) Type genomics: a Framework for integrating Genomic Data into Biodiversity and Taxonomic research. *Systematic Biology*. DOI: <https://doi.org/10.1093/sysbio/syaf040>



MINISTERIO
DE CIENCIA, INNOVACIÓN
Y UNIVERSIDADES

