30/08/2017

Bienvenidos al futuro: nuestro pasado

TXT JAVIER GELFO IMG JUANITA GOLONDRINA

¿Cuán lejos estamos de Jurassic Park? ¿Cómo vemos millones de años atrás a partir del ADN de fósiles?

Podría volver a agarrar esa araña;
nunca he encontrado un animal vivo.
Debe ser una experiencia maravillosa inclinarse
y ver una cosa viva que se escabulle.
Quizás algún día me ocurra.
Phillip K. Dick – ¿Sueñan los androides con ovejas eléctricas?

La ciencia ficción a veces nos enseña que, si hay perseverancia y un contexto socioeconómico adecuado, su límite con el conocimiento científico puede ponerse

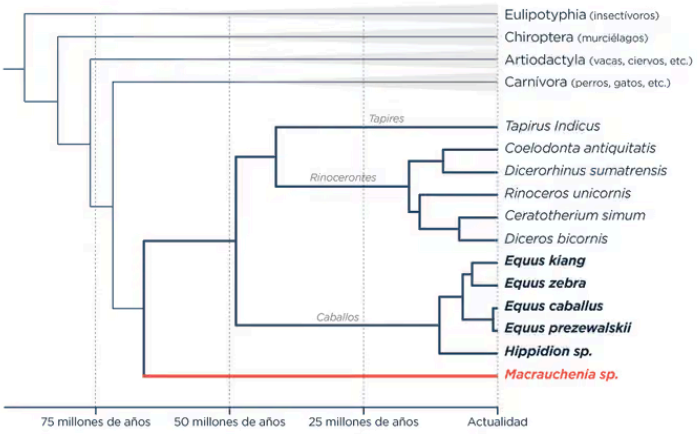
difuso. En particular, en el libro Jurassic Park, Michael Crichton plasmó como ningún otro la idea de **abrir una ventana al pasado a través de la información genética**. Si los seres vivos somos una conjugación entre un set de instrucciones potenciales escritas en nuestro código genético –el famoso ADN– y las posibilidades que el ambiente brinda (o restringe) para su desarrollo, podríamos en teoría (y hasta en la práctica) revivir plantas y animales extintos, e incluso contar con la posibilidad de modelar seres vivos.

Todo indica que es relativamente simple: un mosquito saca la sangre de un dinosaurio, el insecto queda atrapado en resinas de algunas de las tantas coníferas del Mesozoico y, por causas y azares que a veces son difíciles de determinar, eso se convierte en ámbar; se conserva el mosquito dentro de esa roca semipreciosa hasta que alguien con la tecnología adecuada extrae la sangre del dinosaurio allí conservada, toma el ADN y revive al extinto gigante. Claro está que las opciones con las cuales cuenta la ciencia ficción son algo más numerosas que aquellas de las que disponemos en la realidad. Eso sin contar lo fácil que se resuelven los dilemas éticos y morales sobre la manipulación genética en el marco de la literatura.

Hace poco, junto a un grupo de investigadores entre los que se destacan varios colegas del CONICET y de distintos museos argentinos, **conseguimos establecer las relaciones de parentesco de un extraño y extinto mamífero fósil de América del Sur, *Macrauchenia patachonica*, a través de la extracción de su ADN, que tiene una antigüedad aproximada de 12.000 años**. Antes, habíamos logrado recuperar una proteína, el **colágeno**, tanto de esta especie como del ***Toxodon platensis*, otro mamífero sudamericano** con problemas de personalidad que no se termina de decidir entre parecerse a un rinoceronte o a un hipopótamo.

Si bien existen muchos tipos distintos de colágeno, en líneas generales puede decirse que es una sustancia proteica muy común en todos los animales, particularmente abundante en la piel y los huesos. En el caso de los mamíferos, representa casi un cuarto del total de sus proteínas (un montón). **Lo que hicimos entonces fue obtener colágeno de los huesos de estas especies fósiles para tratar de entender qué unidades lo conforman; o sea, cuál era su secuencia**

de aminoácidos. Luego, comparando las diferencias entre esas secuencias de las especies fósiles y las que conforman el colágeno en las especies vivientes, pudimos trazar parte de la historia evolutiva de *Macrauchenia* y *Toxodon*. Esta historia nos permitió entender que ambas especies tuvieron, hace casi 65 millones de años, una tátara abuela común con los denominados **ungulados perisodáctilos (literalmente 'dedos impares'), que incluyen a los caballos, rinocerontes y tapires**. Una de las características que comparten estos mamíferos herbívoros es que apoyan sus patas en el suelo a través de 'cascos' y siempre con un número de dedos impares. **El otro gran grupo de ungulados vivientes, por el contrario, pisan con dedos pares (artiodáctilos) y agrupa entre otros a los ciervos, los camellos y guanacos, las ovejas, las cabras, las vacas y los cerdos**.



Árbol filogenético basado en información de ADN mitocondrial. Vemos las relaciones de parentesco entre Macrauchenia y el ancestro de los caballos, rinocerontes y tapires. En la parte superior puede verse que las relaciones con otros órdenes de mamíferos son mucho más lejanas en el tiempo.

Ahora, **el colágeno está buenísimo para obtener información, pero no es ADN sino la expresión del ADN**. Imaginemos lo diferente que hubiese sido la adaptación cinematográfica de Steven Spielberg si en Jurassic Park hubieran obtenido colágeno en vez de ADN de un dinosaurio y toda la película se la hubieran pasado fabricando gelatina (porque, además de todas las utilidades en la construcción de un ser vivo, cuando se desnaturaliza por hervor y se deja enfriar, el colágeno es justamente eso: gelatina).

En este nuevo trabajo tomamos muestras de fósiles de distintas colecciones y, con una metodología más refinada, pudimos recuperar un tipo particular de ADN –el de las mitocondrias–, prácticamente completo de una *Macrauchenia.* Pero como la felicidad nunca es completa, no tuvimos éxito para obtener ADN de la otra especie que nos interesaba, *Toxodon.* Esto no es raro, ya que de las 19 muestras fósiles que se tomaron, se obtuvo información sólo de una de ellas, proveniente del sur de Chile. Esto es porque **los ácidos nucleicos que componen el genoma son degradables por distintos factores ambientales**, sobre todo si consideramos una antigüedad de más de 10 mil años. En este sentido, **las condiciones de preservación son altamente dependientes del conjunto de procesos vinculados con la formación del fósil y del tipo de ambiente en el que los restos del animal queden depositados** (a esto lo llamamos condiciones tafonómicas). Ambientes selváticos y húmedos donde la descomposición es rápida

son menos proclives a permitir la preservación de restos fósiles y, en particular, conservar su ADN.

Como buen ADN mitocondrial, este no proviene del núcleo de las células, donde están la mayoría de las instrucciones para formar un nuevo ser vivo, sino de una organela interna de la célula, la mitocondria: un departamento interno generador de la energía necesaria para las funciones celulares. Las mitocondrias son celebridades en los estudios de parentesco y filiación. Los usos del ADN mitocondrial van desde estudios sobre evolución humana hasta la determinación del parentesco de más de un centenar de bebés con identidad robada, nacidos y secuestrados durante la dictadura cívico-militar de la Argentina. Las mitocondrias se heredan en la mayoría de los mamíferos exclusivamente por vía materna. Mientras que durante la fecundación los espermatozoides aportan únicamente información genética del núcleo, el óvulo aporta además la estructura y organelos presentes en su citoplasma, entre ellos la mitocondria y, por lo tanto, el ADN mitocondrial.

Volviendo a nuestro extinto protagonista, la *Macrauchenia*, además de tener una actuación estelar en La Era del Hielo, fue el último miembro de su clase, los extintos **Litopterna**: un exitoso grupo de mamíferos herbívoros que habitó América del Sur durante casi 60 millones de años y que desapareció más o menos coincidiendo con la llegada del hombre. Además de formas robustas como *Macrauchenia,* entre los Litopterna evolucionaron formas corredoras que recuerdan en la reducción de los dedos de las patas a los caballos que evolucionarían tiempo después que los litopternas, pero en el hemisferio norte. Los Litopterna constituyen además uno de los pocos grupos de mamíferos terrestres que durante las conexiones entre continente que ocurrieron en el Paleoceno (66 a 56 millones de años atrás) lograron colonizar parte del continente Antártico.

Disney ft Macrauchenia

Pero además de ser el último representante de un linaje de mamíferos herbívoros, ***Macrauchenia* tiene un anecdotario histórico muy interesante**. En el marco de un viaje de casi cinco años a bordo del legendario Beagle (comandado por Fitz Roy), **Charles Darwin** no sólo tuvo la oportunidad de conocer a Juan Manuel de Rosas, contemplar la valentía de los gauchos y contagiarse Chagas, sino que además **descubrió en Argentina, en 1834, los primeros restos de *Macrauchenia***, en la zona próxima al Puerto San Julián (provincia de Santa Cruz). Los huesos colectados por él fueron enviados al renombrado paleontólogo Richard Owen, quien estudió y describió la especie.

Y acá hay dos cosas que en estos días podrían parecer bastante turbias: a) Un inglés enviando fósiles fuera del país y; b) Las relaciones de parentesco de la *Macrauchenia* por su inusual morfología. Hoy, Darwin debería contar con los permisos legales para llevar los fósiles, que luego de ser estudiados deberían volver a un museo argentino. Por otro lado, no sabemos pariente de quién es la asombrosa *Macrauchenia*. Y no es de extrañar su orfandad, ya que el bicho era bastante raro y sin un parecido concreto con otros animales conocidos. Para darnos una idea, estamos hablando de un animal que presentaba un peso de casi una tonelada, un cuello alargado que podría competir con el de una jirafa pequeña y con patas fuertes y grandes como las de un camello pero con tres dedos. Y esto no es todo: la apertura de su nariz estaba ubicada casi por encima de los ojos, como ocurre con ballenas y delfines, lo cual fue interpretado como una trompa. Esto prueba de alguna manera que la evolución es un proceso de azar y selección no dirigido ya que, de existir un diseñador, claramente le hubiera agregado alas y un bonete.

Con semejante descripción no nos debería extrañar que casi 200 años después, las relaciones entre los extintos Litopterna y otros grupos de mamíferos vivientes no pudo ser resuelta a través del análisis de sus caracteres morfológicos (o sea, en base a la forma de los bichos). Esto se debe, en parte, a que **estudiar fósiles nunca es estudiar al organismo completo. Casi siempre las partes blandas del cuerpo se descomponen y desaparecen, y de las partes duras como huesos y dientes no siempre tenemos todos sus elementos a la hora de armar su genealogía**.

Para reconstruir la historia evolutiva lo que se hace es armar matrices con las características que podemos obtener para distintas especies, muchas veces con información incompleta debido a la vicisitudes del registro fósil. En el caso de *Macrauchenia*, por ejemplo, podemos comparar diversas características de su anatomía craneana con la de otras especies. Y aunque el ordenamiento de datos para reconstruir una filogenia y saber dónde clasificar a los seres vivos contiene muchas veces datos muy distintos según los seres vivos considerados, el resultado final suele ser siempre el mismo: una matriz más o menos compleja. Lo de abajo es una tabla de doble entrada en donde codificamos, para cada especie considerada,

cosas como el número y tipo de dientes, la forma de cada hueso del cráneo, etc. Una vez que esta matriz ya es una colección de números o letras, puede entenderse con un ejemplo muy simple:

	Esqueleto	Plumas	Pelos	Miembros pares	Sangre caliente
	Cartilaginoso: 0 – Óseo: 1	Ausente: 0 – presente: 1	Ausente: 0 – Presente: 1	Ausente: 0 – Aletas: 1 – Patas: 2	Ausente:0 – Presente: 1
Tiburón	0	0	0	1	0
Pejerrey	1	0	0	1	0
Culebra	1	0	0	0	0
Paloma	1	1	0	2	1
Perro	1	0	1	2	1
Hombre	1	0	1	2	1

Ahora la cosa es más fácil: podemos ver cuáles especies se parecen más entre sí por tener características heredadas de sus ancestros y cuáles cambiaron menos desde el punto de referencia (en este caso, 65 millones de años); entonces, las agrupamos. Bueno, en realidad lo hacen las computadoras a través de algoritmos capaces de analizar muchísima información en poco tiempo, o al menos en mucho menos del que nos llevaría a nosotros hacerlo a mano.

A partir de los nuevos estudios con colágeno y ADN antiguo, además de la información morfológica de los fósiles de especies extintas, ahora somos capaces de incluir en nuestro análisis mucha información 'invisible' de moléculas, permitiendo obtener resultados más completos y precisos. En el caso de *Macrauchenia*, a partir de una pequeña muestra obtenida de los huesos fósiles y

siguiendo un nuevo protocolo, **pudimos obtener información molecular que permitió establecer las relaciones de parentesco a través de 65 millones de años**. Los resultados de esta técnica hicieron posible recuperar casi el 80% del genoma mitocondrial de *Macrauchenia*, y sin dudas es un gran avance sobre los planteos de la ciencia ficción (vamos por vos, Spielberg). Además, ahora cualquier ciudadano de a pie interesado puede googlear y llegar al banco de genes con una simple búsqueda para dar con el genoma de esta rareza de animal.

A primera vista, el resultado de esta búsqueda podría no parecer tan espectacular ni flashero como participar del trabajo de campo paleontológico y estar ahí en el momento exacto en el que se descubren los fósiles. Ni siquiera se compara con observar directamente un esqueleto de *Macrauchenia* montado en la sala de un museo (y ni hablar con montar una *Macrauchenia*). Pero no deberíamos dejarnos engañar por lo poco glamorosa y palpable que puede parecer la información molecular. Sin dudas, este es un avance clave a la hora de recuperar genomas antiguos, poder conocer con mayor precisión la fascinante historia de la vida en la Tierra y, por qué no, acortar las distancias que separan la ciencia de la ficción.

Referencias

Welker, Frido, et al. "Ancient proteins resolve the evolutionary history of Darwin's S outh American ungulates." *Nature.* 2015: 81-84.

Sumate en
eglc.ar/bancar