

El rol del ADN no codificante en la generación de nuevas especies. (por Susana Gallardo)

13 de diciembre de 2006

Se estudian posibles mecanismos en la formación de nuevas comunidades, con roedores. La clave está en secuencias de ADN que, en apariencia, no tienen utilidad. También se estudian en monos.

Al recorrer una de esas playas de la costa bonaerense, donde el cemento aún no reemplazó a los médanos, es posible encontrarse con un pequeño roedor, de ojos grandes, orejas pequeñas e incisivos de color naranja. No se trata de un personaje de dibujo animado, sino de un tuco-tuco, un animal parecido al cuis, que excava las dunas para construir un sistema ramificado de túneles y galerías. Este huido mamífero pertenece a un grupo de animales con una interesante historia evolutiva: durante casi 10 millones de años su ancestro tenía sólo una o dos especies. Hoy suman más de 60, muy parecidas entre sí. Y esa gran variedad a partir de un solo linaje se produjo en un período bastante breve en términos de la evolución. Pero ¿por qué tantas especies parecidas, y de golpe? Responder este interrogante implica desentrañar un enigma. Para la bióloga Susana Rossi, una de las claves se halla en ciertos componentes del genoma que, en apariencia, no sirven para nada, porque no codifican genes, y, por ello, solía considerarse como "basura genética". En los organismos vivos, sólo una pequeña fracción del total del genoma codifica genes funcionales; por ejemplo, en los seres humanos, más del 50 por ciento es ADN no codificante. "Los tuco-tuco poseen en su genoma una secuencia que, por sus características, parece tener un origen viral, con una estructura semejante a la de un retrovirus, como el del sida", afirma la doctora Rossi, investigadora del Conicet y del Departamento de Fisiología y Biología Molecular y Celular de la Facultad de Ciencias Exactas y Naturales de la UBA. Tal vez, hace millones de años, un retrovirus infectó el genoma de estos animales, o bien un retrovirus endógeno, escapando del control del genoma, produjo millones de copias. "Encontramos esa secuencia en distintas ubicaciones en los cromosomas", señala la investigadora, y agrega: "Esta secuencia, además de amplificarse, tuvo la capacidad de movilizarse dentro del genoma y, así, favoreció, posiblemente, la inestabilidad en la forma y número de los cromosomas". Para que dos individuos que se reproducen sexualmente puedan dejar descendencia fértil, los cromosomas maternos deben aparearse con los paternos. Pero, para ello, en general, los cromosomas deben mantenerse estables en número y forma. Si hay una modificación en un grupo de individuos, el apareamiento no podrá dejar descendencia fértil, es decir, "el cambio cromosómico puede actuar como barrera reproductiva, y eventualmente iniciarse el proceso de divergencia de una especie nueva", señala la investigadora. Claro, también hay otras barreras, como las geográficas, entre una especie incipiente y una preexistente. Eso fue lo que halló Charles Darwin en las islas Galápagos, en su travesía alrededor de América del Sur. Allí el naturalista inglés encontró que ciertas aves -los pinzones- eran diferentes en las distintas islas que conforman el archipiélago, y variaban respecto a los del continente. En el caso de los tuco-tucos, las barreras geográficas no habrían sido muy importantes, ni tampoco las diferencias ecológicas entre las especies, todas explotan el nicho subterráneo. En cambio, la inestabilidad cromosómica podría ser una barrera muy efectiva. Pero ¿por qué los cromosomas se vuelven inestables? La "basura genómica" podría ser la causa. "Es paradójico que una secuencia que no sirve para nada esté repetida millones de veces en el genoma", sostiene Rossi. Durante mucho tiempo nadie les prestó atención, precisamente, porque parecía que no servían para nada. Pero la "basura" genómica está ahí: la ubicación de una misma secuencia en distintos cromosomas puede favorecer la recombinación entre ellos y causar modificaciones en su forma, es decir, inestabilidad, la cual puede conducir al aislamiento reproductivo de las formas cromosómicas diferentes. Rossi, junto con el doctor Claudio Slamovits, que estudió el tema en su tesis doctoral, y Amund Ellingsen, de la Universidad de Oslo, estudiaron las relaciones evolutivas (filogenia) entre un número importante de especies de tuco-tuco. "Vimos que algunos grupos de especies presentan alta variabilidad en el número y tipo de los cromosomas, así como cambios drásticos del número de copias de la unidad básica de esta secuencia de ADN, que había sufrido reducciones y expansiones a lo largo de la evolución de estas especies", explica Rossi. La presencia de una secuencia de origen viral en el genoma de los tuco-tucos, además de jugar un papel en la variedad de especies, evidencia la relevancia que han tenido las asociaciones entre genomas de distinto origen (en este caso un retrovirus y un mamífero) en la evolución de las formas de vida que hoy pueblan la Tierra. Las secuencias repetitivas también se observan en algunos primates. Desde hace unos treinta años, la doctora Marta Mudry, investigadora del Conicet y del Departamento de Ecología Genética y Evolución de la FCEyN, estudia los reordenamientos de los cromosomas en monos del Nuevo Mundo para determinar su posible rol en el surgimiento de nuevas especies. "Entre los monos del género Cebus, más conocidos en nuestro país como Caí, observamos que algunas especies tienen un marcado aumento en el número de repeticiones de secuencias no codificantes, que se detectan en los cromosomas como bloques de tamaño variable que se tiñen en forma diferencial", señala la investigadora. Es decir, "las distintas especies se caracterizan, precisamente, por el tamaño de esas secuencias no codificantes y por su variada distribución en ciertos cromosomas, secuencias que, al aparecer de manera constante en cada especie, permiten su precisa clasificación taxonómica", acota la licenciada Mariela Nieves, que estudia el tema en su tesis doctoral.