

Detectan fósiles de cromosomas en restos de mamut y logran ensamblar el genoma de una especie extinguida

La carne seca del animal que vivió hace unos 52 mil años se conservó todo este tiempo en el permafrost siberiano.

EFE
 Medios Regionales

Un equipo internacional liderado por científicos del Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG) de España descubrió fósiles de cromosomas antiguos en los restos de un mamut lanudo atrapado en el permafrost siberiano desde hace 52.000 años y consiguieron ensamblar, por primera vez, el genoma de una especie extinguida.

La investigación, que se publica en la revista científica *Cell* tras nueve años de su puesta en marcha, la llevaron a cabo más de 50 científicos de los equipos del CNAG y el Centro de Regulación Genómica, ambos en Barcelona, el Baylor College of Medicine (Estados Unidos) y la Universidad de Copenhague (Dinamarca).

El estudio supone un antes y un después en el estudio de estas especies y sus habilidades de adaptación a las adversidades climáticas de su tiempo.

Según la coautora principal del estudio, Olga Dudchenko, la supervivencia de estos fragmentos de ADN antiguo durante decenas de milenios es “todo un misterio de la física”, ya que, como predecía Albert Einstein en 1905, no deberían existir en circunstancias normales.

Sin embargo, los investigadores creen que el terreno permanentemente congelado (permafrost) en el que se halló el mamut, en Siberia, ha propiciado la creación de los cromosomas fósiles, mediante un proceso similar a la elaboración de carne seca o cecina.

Por este motivo, al conservarse en un estado parecido a las moléculas del vidrio, la estructura del cromosoma ha permanecido intacta hasta nuestros días.



VALERII PLOTNIKOV Y DAN FISHER EXAMINAN LA PIEL DE UNA HEMBRA DE MAMUT HALLADA EN RUSIA.

Un estudio de 1984 ya sugería que el ADN se mantenía en estas muestras antiguas, pero, dada la limitación que suponía su baja calidad para analizarlo, nadie había logrado estudiar su estructura. Hasta ahora.

“Los cromosomas fósiles han cambiado las reglas del juego, porque conocer la forma de los cromosomas de un organismo hace posible ensamblar la secuencia completa de ADN de criaturas que se extinguieron. Esto nos permite obtener información que no teníamos hasta ahora”, explica la doctora Dudchenko, del Baylor College of Medicine.

En comparación con las muestras de ADN antiguo que se conservaban hasta ahora, los nuevos fósiles de cromosomas antiguos tienen un millón de informaciones genéticas más; unos datos muy relevantes para

conocer los genes que estaban activos en la especie y su evolución.

El fenómeno de la compartimentalización cromosómica, presente en la muestra de piel del mamut, segrega el ADN activo e inactivo en espacios contiguos dentro del núcleo celular y es lo que ha permitido a los investigadores identificar qué genes estaban activos en el instante en que murió el animal.

COMPARACIÓN CON ELEFANTE

Al comparar el genoma conjunto completo del ácido desoxirribonucleico del mamut y de la especie actual más cercana, el elefante, encontraron muchas similitudes, sin llegar a ser exactamente idéntico.

Concretamente, localizaron aproximadamente 1.000 sitios en el genoma

con actividad diferenciada; el gen de crecimiento, el gen de adaptación inmunológica y el gen de adaptación al frío, por ejemplo.

“Con este tipo de datos no solo sabemos qué genes tiene el mamut comparado con el elefante, sino cuáles han ayudado a la adaptación y nos puede explicar por qué se extinguió”, ya sea por cambios climáticos o por incapacidad de adaptarse a otros fenómenos, señala el coautor principal de la investigación, Marc Martí-Renom.

Además de la compartimentalización, hallaron una coincidencia estructural con los cromosomas modernos: los bucles de cromatina, unas estructuras pequeñas de unos 50 nanómetros.

“Los bucles de ADN son importantes porque acercan las secuencias de ADN

activadoras a sus objetivos genéticos. Por lo tanto, estos fósiles no solo nos muestran qué genes estaban activos, sino también por qué”, apunta Martí-Renom.

Con el objetivo de validar el estudio, trabajaron también con una segunda muestra, extraída de un mamut muerto 39.000 años atrás, también en Siberia, que se encuentra muy bien conservada en un museo de Rusia.

“HITO” EN PALEOGENÓMICA

Los científicos afirman que este descubrimiento abre las puertas a trabajar con otros tipos de muestras en un futuro, sobre todo de museos de historia natural, donde se encuentran muchas muestras preservadas de la misma manera que el animal analizado, pero también de especies en peligro de extinción e incluso momias secas.

“A partir de ahora podemos estudiar una muestra antigua y su actividad genética, que nos desvela cómo se adaptó a su ambiente en ese momento”, añade el investigador del CNAG.

Otra coautora del documento, la investigadora de la Universidad de Copenhague Marcela Sandoval-Velasco, lo considera “un hito en el campo de la paleogenómica”.

“Estamos dando un paso adelante en el estudio del pasado”, afirma Sandoval, que sostiene que estos pequeños fragmentos de ADN antiguo “nos hablan y nos permiten estudiar la historia evolutiva de diferentes organismos”.

Según la ciencia, los mamuts -diversas especies del género *Mammuthus*- existieron desde hace 4,8 millones de años hasta solo 3 mil 700 años atrás. ☺