

ESTUDIO DEL ADN DE CAMÉLIDOS SUDAMERICANOS

Liliana Semorille*. 2005. Cienciahoy, Revista de Divulgación Científica y Tecnológica de la Asociación Ciencia Hoy, 5(28).

*Instituto de Bioquímica y Biología Molecular, UNLP.
www.produccion-animal.com.ar

La autora de este recuadro estudió comparativamente el material genético de los camélidos sudamericanos, un aspecto de su biología que no había sido explorado; analizó, entre otros temas, la organización de secuencias repetidas de ADN, que suelen encontrarse en proporción alta en los mamíferos, y cuyo papel en la estructura, evolución y regulación de las genes no es aún conocido. Estas secuencias pueden aparecer más de un millón de veces y, desde un punto de vista evolutivo, podrían establecer nuevas relaciones entre los genes estructurales y regulatorias, ya que las secuencias repetidas podrían variar algunas de sus características a lo largo del tiempo sin perder su identidad. Ello convierte a este tipo de ADN en valiosa herramienta para inferir relaciones evolutivas entre grupos de organismos.

El análisis de ADN con las enzimas llamadas endonucleasas de restricción, capaces de reconocer y cortar determinadas regiones del ADN denominadas sitios de restricción, constituye un camino para estudiar la estructura y organización génicas. La gran variedad de endonucleasas permite efectuar un análisis detallado de sitios de restricción presentes en un ADN dado.

El número y la calidad de esos sitios es característico de cada ADN y puede utilizarse para diferenciarlo de otro emparentado. En el caso de genomas pequeños, como el de los virus, la digestión con endonucleasas de restricción produce un número relativamente pequeño de fragmentos específicos. La separación de estos por acción de un campo eléctrico (proceso conocida como electroforesis) genera una distribución específica de los fragmentos. Las diferencias entre las distribuciones de diversas muestras de ADN hacen posible inferir el grado de relación entre los organismos de las que provienen.

El ADN de los mamíferos es mucho más complejo y contiene tanto secuencias repetidas como únicas. Cuando en un ADN la secuencia de nucleótidos no se repite, los fragmentos que resultan de la acción de las endonucleasas dan lugar; luego de la electroforesis, a una distribución continua. Las secuencias de ADN que se repiten, en cambio, contienen sitios de restricción espaciados regularmente. En consecuencia, los fragmentos que resultan de la acción de las enzimas en estas sitios se distribuyen de modo discreto y superpuestas al perfil continuo de las secuencias únicas. Las secuencias repetidas generan distribuciones fácilmente detectables por electroforesis; ellas pueden tomarse como las huellas digitales del ADN de una especie, y convierten a este tipo de análisis en un instrumento importante del estudio molecular de la evolución.

En nuestra investigación, ADN de cada uno de los camélidos sudamericanos -y del camello, uno de los asiáticos- se digirió con once diferentes endonucleasas de restricción y se sometió a electroforesis; resultaron, en cada caso, patrones de distribución características. Para cada enzima de restricción empleada se consignaron las longitudes de las fragmentos observados y se indicó su presencia a ausencia en cada especie estudiada. El conjunto de datos constituyó una matriz para el análisis de variación de sitios de restricción en ADN altamente repetida. El camello se tomó como el grupo externo de referencia (outgroup). El análisis filogenético (realizado según las técnicas de Wagner y Dollo) dio como resultado un árbol evolutivo único, en el que guanaco y llama están más estrechamente ligados mientras que, de las especies restantes, la alpaca es la más próxima al grupo guanaco-llama.

La estrecha relación entre guanaco y llama, demostrada por este análisis, concuerda con la hallada por Wheeler (1991) en estudios de restos de animales procedentes de sitios arqueológicos ocupados hace 6000 años, al inicio del proceso de domesticación. Esos hallazgos nos llevaron a postular que la llama es un guanaco doméstico. Pero las características del ADN de la alpaca, compartidas en parte con la vicuña y en parte con el grupo guanaco-llama, indican una vinculación también estrecha de esta especie con las otras tres sudamericanas. Tales hallazgos concuerdan con el estudio bioquímica de Penedo y Bowling (1990), realizado sobre 1370 animales, que los llevó a postular una diferencia subespecífica (en lugar de específica) entre los camélidos sudamericanos.

DOMESTICACIÓN

Wheeler postuló en 1984 que la primera domesticación de camélidos tuvo lugar allí, antes del 2500 a.C. El abrigo rocoso precerámico de Telamarchay -uno de esos cinco sitios- proporcionó evidencias que llevaron a definir cuatro etapas: una primera de caza generalizada de todos los ungulados de la Puna (7000-5200 a.C.); otra de caza especializada de guanacos y vicuñas (5200-4000 a.C.); luego vino una (4000-3500 a.C.) con los primeros

animales domesticados y (después del 3500 a.C.) la última, de pastoreo de animales plenamente domésticos. Por las características morfológicas de los incisivos, Wheeler identificó las especies domesticadas en Telamarchay y sostuvo que la utilización intensiva de la vicuña culminó, luego de 6000 años, en la alpaca. No es posible determinar si las llamas también aparecieron en ese momento, pues sus incisivos no se distinguen de los de guanaco, pero la presencia de restos de neonatos grandes sugiere la posibilidad de que estuvieran presentes.

Es interesante señalar que la economía ganadera andina del imperio incaico, encuadrada por algún tipo de legislación acerca de los camélidos, tiene puntos de contacto con la evolución del pastoreo de ovinas, caprinas y bovinos en el Viejo Mundo. Llamas y alpacas parecen haber sido objeto de selección por parte de los incas, con la finalidad de producir buenos animales de carga y fibra de alta calidad. Todo indica que, luego de la conquista española, los rebaños nativos y sus pastores declinaron, con el consiguiente empobrecimiento genético de ambas especies de camélidos domésticos.

El análisis filogenético de los datos moleculares fue realizado con el doctor Jorge Crisci, LASBE, Facultad de Ciencias Naturales, UNLP.

LECTURAS SUGERIDAS

- JUNEJA, R.K., PENEDO, M.C.T., LARSON, H.E.B., GAHNE, B. Y BOWLING, A.T., 1989, "Two-Dimensional Electrophoresis of the Plasma Proteins of Alpacas and Llamas :Genetic Polymorphism of A-B-Glycoprotein and Three other Proteins", *Animal Genetics* 20:395
- PENEDO, M.C.T y BOWLING, A.T.,1990, "Genetic Diversity and Differentiation among Llamas, Alpacas and Guanacos", XXII International Conference on Animal Genetics, East Lansing 48824.
- WHEELER, J.C., 1984, "On the Origin and Early Development of Camelid Pastoralism in the Andes", en CLUTTON-BROCK J. & GRIGSONS C., (eds.), *Animals and Archaeology, V.3: Early Herders and their Flocks*, 395-410, BAR International Series 202, Oxford
-