

Por suerte, en aquel momento, científicos perspicaces, tomaron muestras de sangre de estos animales para poder revivirlos en nuestros días. No hace falta que aclaremos que no era verdad lo de la extracción de sangre. Veamos entonces cómo sigue la historia...

1994. Siberia. Hemos escuchado sobre los efectos del cambio climático y el calentamiento global. Según los científicos sus consecuencias son visibles a lo largo y a lo ancho del planeta, aunque claro está, no todas son nefastas para el hombre. Muy lejos de nuestro país en la fría y desolada tundra siberiana, un grupo de científicos se adentra en las interminables masas heladas de permafrost (hielo profundo y muy antiguo) que el cambio climático está debilitando cada vez más, dejando sorpresas en su camino. Tras varios días de expedición, finalmente, sus esfuerzos dan frutos... han encontrado lo que fueron a buscar: un espectacular ejemplar de mamut lanudo (*Mammuthus primigenius*) atrapado en la inmensidad blanquecina del hielo siberiano y en buen estado de conservación, debido a la temperatura de 20 grados bajo cero en la que ha estado durante cerca de 20.000 años. Por suerte para los científicos que no pudieron estar cuando esta especie desapareció definitivamente, este hermoso ejemplar aún conservaba mechones de pelo.



Marche un mamut para tu nieto. Un grupo de científicos se adentró en la tundra siberiana en 1994. Lograron extraer un ejemplar de mamut en excelente estado de conservación. El resultado fue la secuenciación de su genoma completada en 2008. Ahora ¿los traemos a la vida?

Si han visto películas detectivescas o seguido muchos casos policiales por las noticias, entonces sabrán que, a partir de restos de pelo, es posible obtener el ADN de los delincuentes. Bueno, de manera similar han procedido con los pelos del Mamut. Extrajeron su ADN y, al igual que hicieron con el genoma humano, lo secuenciaron.

Así se escribió la historia de la primera obtención del genoma de un animal extinto.

**¿Qué han dicho los científicos al respecto?
¿Cómo esto engancha con traerlos de nuevo a la vida?**

Stephan Schuster, uno de los autores principales de la investigación del Mamut, cree que es posible, en algún tiempo, lograr que esas secuencias, hoy, almacenadas en el disco rígido de una computadora puedan llegar a formar parte de cromosomas sintéticos el día de mañana. Craig Venter (líder del consorcio privado de secuenciación del Genoma Humano llamado Celera Genomics) ha logrado crear, por primera vez, un cromosoma totalmente sintético. Y según las propias palabras de Schuster, «alguien como Venter puede desarrollar una forma rápida de transformar el genoma del mamut que nosotros tenemos en el ordenador en cromosomas completos».

Pero ese sería el primer paso. Jeremy Austin, nuevamente, acompaña nuestro relato asegurando que «una secuencia genética no hace a un organismo vivo y, si bien conta-

mos con una secuencia parcial del genoma del mamut y con un número considerable de errores, sería como tratar de construir un coche con el 80% de las piezas y sabiendo que algunas están rotas».

(<http://www.elmundo.es/elmundo/2008/11/19/ciencia/1227112829.html>)

Con los fragmentos faltantes (el 20%, aproximadamente) los investigadores han utilizado una estrategia similar a la de Jurassic Park: **Los fragmentos ausentes han sido deducidos por comparación con otros organismos cercanos. Los elefantes.**

De esta manera la polémica se reavivó.

¿Es posible revivir especies extintas?

Miremos una nota publicada en el diario *La Nación* el viernes 21 de noviembre de 2008:

“Un grupo de científicos cree que sería posible revivir un mamut”, titulaba desafiante. Veamos los puntos salientes del artículo, “Los científicos están considerando, por primera vez, la posibilidad real de revivir especies extinguidas, un clásico de la ciencia ficción, y dicen que hacerlo con un mamut costaría apenas 10 millones de dólares.

La misma tecnología podría aplicarse a cualquier otra especie extinguida de la que se obtenga pelo, cuernos, pezuñas, piel o plumas, y que haya desaparecido en los últimos 60.000 años, la edad límite para el ADN”.

“Actualmente, no hay forma de sintetizar un trozo de ADN del Mamut, y menos aún de transformarlo en un animal entero. Pero Schuster dijo que un atajo podría ser modificar el genoma de la célula de un elefante en los 400.000 sitios necesarios para hacerlo parecerse al genoma del mamut. La célula podría convertirse en un embrión y éste podría ser gestado por una elefanta, un proyecto cuyo costo rondaría los 10 millones de dólares”.

Interesante ¿no? Parece que nunca se van a rendir, sin embargo, jugar a ser Dios puede ser peligroso.

Por otro lado, existen muchas especies extintas haciendo cola para la máquina llamada “TE REVIVO EN CUALQUIER MOMENTO” de las cuales se ha logrado obtener ADN.

The screenshot shows the website of *La Nación* with the section "Ciencia y salud". The article title is "Un grupo de científicos cree que sería posible revivir un mamut" with the subtitle "Con las nuevas técnicas de ingeniería genética, costaría 10 millones de dólares". The article is dated Friday, November 21, 2008. It features a photo of a mammoth skeleton in a museum. The author is John Noble Wilford from *The New York Times*. The text discusses the possibility of reviving extinct species using genetic engineering, specifically mentioning the mammoth and the cost of 10 million dollars. It also mentions that the same technology could be applied to other extinct species like dinosaurs, provided they have preserved remains like hair, horns, or skin within the last 60,000 years, which is the limit for having usable DNA. The article concludes by noting that while it's not probable to bring animals back to life, museums' collections of such objects could contain DNA that might be decoded by new machines.



La lista la encabezan nuestros “hermanos” **Neanderthal** (*Homo neanderthalensis*) extinguidos hace unos 30 mil años y quienes podrían haber sido sus mascotas preferidas, los felinos **Tigre dientes de sable** (*Smilodon fatalis*) desaparecidos hace 11 mil años y que habrás podido disfrutar en **La era del Hielo** (la película animada).

Por detrás de ellos aparecen empujando el **Oso de cara corta** (*Arctodus simus*), extinguido hace 10 mil años, y el famoso **Tigre de Tasmania o Tilacino** (*Thylacinus cynocephalus*), extinguido en 1936 (¿o no?, hay muchos relatos de personas que aseguran haber visto ejemplares vivos en Australia). El último ejemplar conocido de la especie fue Benjamin, un animalito muy curioso que murió en 1936 en el zoo de Hobart, Tasmania.

La máquina de revivir bichos extintos. Una larga cola espera ante la posibilidad de poder volver a traer a la vida a animales extintos por medio de la genética molecular. Desde el Neanderthal hasta el tigre dientes de sable. ¿Fantasía?



Lamentablemente, tengo que contarles el segundo problema del proyecto “Revivamos a todos los bichos que ya no existen”. De acuerdo al conocimiento que hoy tenemos en Biología Molecular, esto es sencillamente imposible. Aún si contáramos con la secuencia completa del genoma de *Carnotaurus sastrei*, *Mammuthus primigenius*, *Homo neanderthalensis*, *Smilodon fatalis*, *Arctodus simus* y *Thylacinus cynocephalus* y, además, tuviéramos la tecnología necesaria, nunca podríamos lograr revivirlo. Una de las principales razones radica en que la información genética no es la única información esencial para que un organismo pueda desarrollarse. De todos estos animales, hay mucha información necesaria que se ha perdido, y lo ha hecho para siempre.

¿Qué es esa información? y ¿dónde está almacenada?

Además de la información genética existen, al menos, dos niveles extras de información vitales y necesarios para que un organismo pueda formarse a partir de una única célula: el **proteoma** y el **epigenoma**.

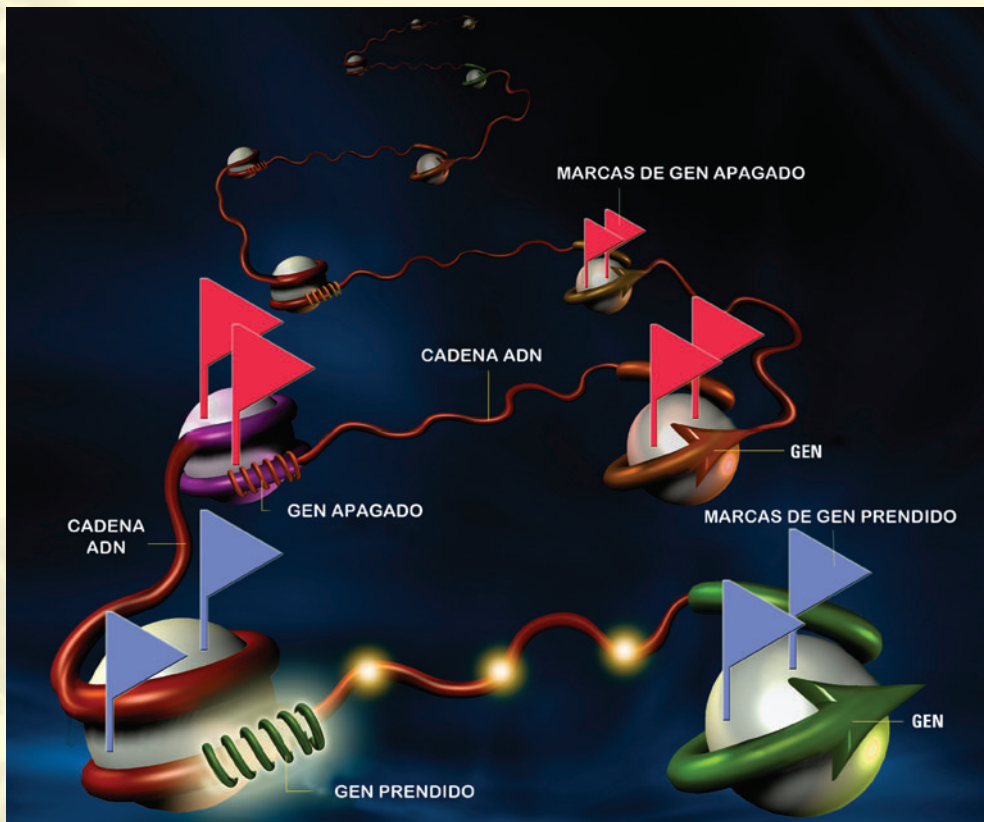
Veamos de qué se trata cada una de estas palabras raras por separado.

Recordemos el capítulo del “Explorer Frontier”; para que el proyecto pudiera ser llevado adelante no sólo se necesitaba la información almacenada en la PC de la cabina central, de hecho “**tenía**” que haber una computadora y **tenían** que existir robots capaces de usar esa información para formar otros robots y estructuras. Es decir, la información por sí sola no era capaz de ensamblar absolutamente nada. Lo mismo ocurre con nuestras células, la información genética es sólo una parte más, una compleja red de información capaz de crear un ser vivo adulto. Se necesitan muchas proteínas (miles) diferentes, ubicadas en lugares precisos en el interior de la célula, en el momento indicado y en cantidades indicadas para que el programa de desarrollo de un organismo “lea” y utilice correctamente la información genética. Podríamos decir que el conjunto de proteínas (en calidad y cantidad) que existen en una célula determinada es llamado **Proteoma** (de esa célula o tipo de células).

Para poder ingresar al mundo del **epigenoma** (el otro nivel de información mencionado previamente), vamos a tener que regresar al castillo medieval. Y como no podía ser de otra manera... a su biblioteca. Por una nueva disposición del bibliotecario todos los libros de aquella mega-biblioteca han sido guardados en diferentes casilleros, algunos bajo llave y otros no. Por lo tanto y, a partir de esta nueva resolución, no toda la información almacenada en los libros estará disponible para el ayudante de cocina. Sólo podrá utilizar aquellos libros que estén ubicados en casilleros abiertos, el resto (los que están bajo llave) es información inaccesible para el ayudante. Análogamente, ocurre algo similar con el ADN. Puede estar en un estado abierto, accesible (conocido como eucromatina), como si fuera una larga pulsera (de dos metros de longitud) con nombres, desparramada por el piso de toda una habitación, de manera que podemos sentarnos y ubicar cualquier nombre escrito sobre ella. O puede estar en un estado cerrado, inaccesible (conocido como heterocromatina), como si ahora hiciéramos un ovillo con la pulsera y quisiéramos ver cuáles son los nombres que están en el centro, imposible. Así, la maquinaria molecular que busca genes para poder transcribirlos no tendrá acceso a todo el genoma, lo hará, principalmente, en aquellas regiones donde el ADN se encuentra “abierto” o accesible.

Imaginemos ahora que los casilleros bajo llave tienen un color determinado, por ejemplo rojo, y los casilleros sin llave otro, digamos azul, entonces cuando el ayudante ingresa a la biblioteca puede ver cuáles están abiertos y cuáles cerrados, sin tener que probarlos uno por uno y así ganar un poco de tiempo.

En la biblioteca celular el ADN no está suelto, sino que se asocia con unas pelotitas (que en realidad son proteínas) llamadas histonas, enrollándose de tanto en tanto con una de ellas. En una célula existen millones de estas pelotitas y cada una tiene una colita a la cual se le pueden agregar ciertas marcas “químicas” como si fueran banderitas de colores. Por su parte, cada banderita contiene diferente tipo de información. De manera similar al ejemplo de la biblioteca, cuando una región de ADN está ubicada en un contexto abierto o accesible, las banderitas pegadas en estas colitas tendrán un color azul, mientras que aquéllas que están ubicadas en zonas más cerradas mostrarían banderas rojas. Es importante dejar en claro que los colores de las banderas no son reales, ni siquiera las banderas. Son, simplemente, una forma que elegimos para graficar las marcas químicas que pueden ser realizadas sobre las colitas de las pelotitas llamadas histonas.



Marcas epigenéticas. La molécula de ADN (marrón) se enrolla sobre las “pelotitas” de histonas. Cuando los genes se prenden unas banderitas azules son agregadas: representan el conjunto de modificaciones químicas realizadas sobre las “colitas de las histonas” que marcan que el gen está activo. Algo similar ocurre en un gen apagado, en nuestro ejemplo, banderas rojas se le agregan para marcarlo.

Para hacer más complejo este asunto, imaginemos que existe un código de colores en la biblioteca, donde cada color hace referencia a alguna actividad particular. Por ejemplo, casilleros **rojos** indican que está cerrado; **azul** que está abierto; **naranjas** señalan que está abierto pero que, además, ha sido utilizado recientemente; **celeste** que está cerrado pero que puede abrirse con facilidad; **amarillo** marca que los libros en su interior están dañados y, así, sucesivamente. En el núcleo celular existe también un código de acuerdo a las banderitas que se colocan en las colitas de las histonas. La combinación de colores y de banderitas colocadas contiene información sobre muchos procesos celulares diferentes, si la región es accesible o no, si en ese lugar hay genes y si esos genes están activos e inactivos, o si esa región ha sido dañada y necesita ser reparada, entre muchas otras cosas. Algunas de estas marcas químicas son heredables y se las conocen como marcas epigenéticas y el conjunto de estas marcas hechas sobre todo el genoma lleva el nombre de **epigenoma**.

Este campo de la Biología Molecular es muy reciente y ha generado una cantidad enorme de información que los científicos tratamos de interpretar día a día.

Lo cierto es que este nivel de información es tan esencial como el genético. Veamos un ejemplo sencillo para graficar esto. Tenemos un gen en la molécula de ADN que tiene la información para formar una proteína fundamental de un organismo, la proteína MU, ese gen tiene un principio y un fin marcado por la secuencia de letras que lo componen. El gen por sí solo no puede formar la proteína MU, sino que requiere de otras proteínas como ya hemos mencionado, las polimerasas por ejemplo. Estas proteínas forman parte de la información proteómica. Pero, como este gen está entre medio de millones de letras, la polimerasa necesita encontrar una señal que le indique que allí hay un gen y que debe ir a transcribirlo, esa señal pueden ser banderitas naranjas ubicadas en las colitas de las histonas sobre las cuales está enrollado el gen de la proteína MU. Estas banderitas forman parte de la información epigenética. Así pues, hemos reunido información genética en la secuencia de las letras del gen MU, información epigenética en las banderitas que marcan al gen y que son necesarias para que las proteínas encargadas de transcribirlo puedan encontrarlo, y estas proteínas que, a su vez, forman parte de la información proteómica.

Señalado todo esto, ahora podemos comprender mejor por qué debemos ponerle fin a nuestro sueño “un *Carnotaurus* y un mamut como mascotas”. Y la explicación es: si lográramos conocer la secuencia de letras de todo el genoma de cada una de estas especies, sólo lograríamos conocer una parte de la información que necesitamos: la genética. La información proteómica al igual que la epigenética (del epigenoma) ya no está a nuestro alcance y, por más intentos que pudiéramos hacer, nunca lo van a estar, porque esa información desapareció hace mucho tiempo. Se perdió conjuntamente con el último aliento agonizante de cada uno de estos ejemplares que abandonara la Tierra para siempre.

Y si bien nunca podremos regalarle a nuestro hijo, sobrino o nieto un *Carnotaurus* o un mamut para que tengan como mascota el día de su cumpleaños, nos quedaremos con el consuelo de que no sufriremos ninguna mordida mortal o, lo que sería peor aún, una «corneada».