

Trazan el árbol genealógico de los rinocerontes

El genoma de las cinco especies de rinocerontes que aún viven en la actualidad y de tres extintas ha sido analizado y comparado para conocer el pasado de los ancestros de estos animales y su evolución. El equipo de científicos ha descubierto que su escasa diversidad genética actual era también común en los ejemplares antiguos.

Eva Rodríguez

24/8/2021 17:00 CEST



Reconstrucción artística de las tres especies de rinoceronte extinguidas cuyos genomas han sido secuenciados. En primer plano se ve un elasmoterio o unicornio siberiano (*Elasmotherium sibiricum*) y cerca dos rinocerontes de Merck (*Stephanorhinus kirchbergensis*). En el fondo, un rinoceronte lanudo (*Coelodonta antiquitatis*). / Beth Zaiken

En la actualidad, todas las especies de **rinoceronte** están en peligro de extinción. De hecho, del [rinoceronte blanco del norte](#) solo quedan dos ejemplares hembras. En total, existen **cinco especies** distintas vivas de estos animales en el mundo y la relación entre ellas es una cuestión ampliamente debatida desde tiempos de Darwin. Esto se debe a que la mayoría de los rinocerontes se extinguieron antes del Pleistoceno.

“ Fue la formación de la conexión terrestre entre las masas afroárabes y euroasiáticas lo que permitió que los primeros rinocerontes se extendieran desde Eurasia a África ”
Love Dalén

Un equipo internacional de científicos ha analizado los genomas de todas las especies actuales, junto con los de tres especies antiguas extintas, hasta concluir que la división más antigua **separó los linajes africano y euroasiático** hace unos **16 millones de años**. La investigación ayuda a completar las lagunas en el árbol genealógico de los rinocerontes.

“Con toda probabilidad, fue la formación de la conexión terrestre entre las masas afroárabes y euroasiáticas –que ocurrió poco tiempo antes de esta época, geológicamente hablando– lo que permitió que los primeros rinocerontes se extendieran desde Eurasia a África”, dice a SINC **Love Dalén**, científico del Centro de Paleogenética del Museo Sueco de Historia Natural y coautor del estudio que publica hoy en la revista *Cell*.

Michael Westbury, investigador de la Universidad de Copenhague (Dinamarca) y coautor del trabajo, añade a SINC: “Es muy difícil decir exactamente qué causó esta división. Sin embargo, como hace unos 19 millones de años se formó este puente de tierra, puede haber permitido que algunas poblaciones ancestrales de rinocerontes africanos colonizaran este continente y prosperaran debido a la menor competencia con otras especies de rinocerontes”.

Los datos del genoma representan diferentes tipos de datos, en parte debido a la **inclusión de ADN moderno y antiguo**. “Cuando decidimos reunir todos los datos de los rinocerontes y realizar un estudio genómico comparativo, también nos enfrentamos al problema de *big data*”, explica **Shanlin Liu**, de la Universidad Agrícola de China, en Pekín.

Por este motivo, el equipo tuvo que desarrollar nuevas herramientas de análisis para tener en cuenta esas diferencias. Los **nuevos enfoques y**

herramientas que desarrollaron pueden aplicarse ahora a estudios en otros grupos taxonómicos.

Una escasa diversidad genética actual heredada de sus ancestros

Otro de los hallazgos importantes de este trabajo es que todos los rinocerontes, incluso los extintos, han tenido históricamente **bajos niveles de diversidad genética**. Las ocho especies mostraron, o bien una disminución continua pero lenta del tamaño de la población durante los últimos dos millones de años, o bien tamaños de población constantemente pequeños durante largos períodos de tiempo. “Los tamaños de población continuamente bajos pueden indicar que los rinocerontes en general están adaptados a niveles bajos de diversidad”, asegura Westbury.

El diferente número de cuernos de los rinocerontes evolucionó de forma independiente en los distintos continentes

Este hecho implicaría que la baja diversidad genética que vemos en los **rinocerontes actuales** es, en parte, consecuencia de su biología, aunque las menguantes poblaciones modernas tienen una menor diversidad genética y más endogamia que en el pasado.

“Esto no quiere decir que la diversidad genética no sea importante. Al contrario, es fundamental para cualquier especie, incluidos los rinocerontes, ya que es la ‘caja de herramientas’ que utiliza la evolución cuando una especie necesita adaptarse a los cambios del entorno o a nuevas enfermedades. Lo que sí muestran nuestros resultados es que **el nivel de mutaciones perjudiciales es relativamente bajo**, lo que significa que la endogamia puede no tener un efecto tan negativo como habíamos pensado”, aclara Dalén.

Michael Westbury, continúa: “También nos señala que el diferente **número de cuernos** de los rinocerontes evolucionó de forma independiente en los distintos continentes. Antes se pensaba que todos los que tenían dos

cuernos se desarrollaron a partir de un único ancestro común de estas características, al igual que ocurriría con los de un cuerno”.

Para los científicos, esta idea es coherente con la aparente ausencia de **mutaciones deletéreas** acumuladas en los rinocerontes en las últimas décadas. “Las mutaciones deletéreas son alteraciones que se predice que son perjudiciales para el individuo, al menos cuando se llevan en ambos cromosomas hermanos. En nuestro trabajo, estudiamos algo llamado mutaciones de pérdida de función, que son un tipo de mutaciones deletéreas”, explica Dalén.

“Son cambios aleatorios en el código genético que disminuyen las posibilidades de supervivencia de los animales. Si se vuelven demasiado comunes, por ejemplo, a través de la endogamia, pueden hacer que las poblaciones disminuyan”, agrega Westbury.

Para el investigador, los rinocerontes podrían haber purgado estas alteraciones genéticas en los últimos 100 años, lo que les habría permitido mantenerse relativamente sanos, a pesar de la baja diversidad genética.



Sudan, el último macho de rinoceronte blanco del norte del mundo que murió en 2018./ Helping Rhinos

Caza furtiva y destrucción de su hábitat, causas de su delicada situación

A pesar de todo, para Dalén la **gran amenaza** para los rinocerontes actuales no son los problemas genéticos, sino la **caza furtiva y la destrucción del hábitat**. “Así que lo más importante que podemos hacer para aumentar las poblaciones de rinocerontes es detener estas actividades”, añade.

“ *Los seres humanos debemos dejar de cazarlos furtivamente por sus cuernos, ya que eso impide que el tamaño de las poblaciones aumente* ”
Michael Westbury

“Los seres humanos debemos dejar de cazarlos furtivamente por sus **cuernos**, ya que eso impide que el tamaño de las poblaciones aumente. Además, tenemos que darles espacios adecuadamente grandes para que se reproduzcan, ya que cuanto más espacio tengan las **poblaciones**, más grandes podrán ser de forma natural”, advierte el investigador de la Universidad de Copenhague.

Los resultados tienen algunas implicaciones prácticas para la conservación de los rinocerontes, según los investigadores. “Ahora sabemos que la baja diversidad que vemos en los individuos contemporáneos puede no ser indicativa de una incapacidad de recuperación, sino de un estado natural del rinoceronte”, afirma Westbury. “Podemos orientar mejor los **programas de recuperación** para que se centren en **aumentar el tamaño de la población** en lugar de la diversidad genética individual”.

El equipo espera que los nuevos hallazgos sean útiles para seguir estudiando los rinocerontes y su conservación. El grupo de Dalén está trabajando ahora en un estudio más profundo del extinto **rinoceronte lanudo**.

“Los estamos analizando por dos razones. Una es que queremos investigar cuándo empezó a decaer la diversidad genética de la especie hacia la

extinción. Si ocurrió muy rápidamente o a lo largo de varios miles de años. Además, mediante la secuenciación de múltiples genomas de este animal, esperamos poder identificar mutaciones fijas únicas, es decir, aquellas que convirtieron a un rinoceronte lanudo en dicha especie”, informa el experto.

“ *Esperamos que, al comprender mejor dónde solían encontrarse estos ejemplares y las relaciones que tenían entre ellos, podamos ayudar a orientar futuras decisiones de translocación y conservación*

Michael Westbury

Por otro lado, Westbury participa en la **comparación** de los genomas de rinocerontes negros africanos muestreados, antes de la reciente disminución del tamaño de la población, con los de individuos contemporáneos. “Queremos entender mejor las consecuencias genéticas de la disminución de su población causada por el hombre. También esperamos que, al comprender mejor dónde solían encontrarse estos ejemplares y las relaciones que tenían entre ellos, podamos ayudar a **orientar futuras decisiones de translocación y conservación**”, revela el investigador.

Referencia:

Liu et al. “Ancient and modern genomes unravel the evolutionary history of the rhinoceros family” [Cell](#).

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

RINOCERONTES | GENÉTICA | ÁRBOL GENEALÓGICO | ANIMALES | EXTINCIÓN |
CONSERVACIÓN | ADN | GENOMA |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las](#)

[condiciones de nuestra licencia](#)