

# Tras las 'huellas' genéticas de las tortugas caguama y carey

Por: Emanuel Enciso Camacho  
 emanuel.encisoc@utadeo.edu.co  
 Fotografía  
 Archivo Javier Adolfo Hernández  
 y Simón Sánchez

A partir de la genética molecular, el profesor Javier Adolfo Hernández estudia la evolución, rutas migratorias y caracterización de las subpoblaciones locales de estas especies de tortugas, con el fin de proponer estrategias que puedan utilizarse para su manejo y conservación.

En Colombia, se estima que el 37 % de las poblaciones de las quince especies de tortugas que habitan este territorio están bajo amenaza. Dos de estas, la *Caretta caretta* (tortuga caguama o cabezona) y *Eretmochelys imbricata* (tortuga carey), según el Informe de Biodiversidad del 2016 del Instituto Humboldt, se encuentran en peligro crítico. Estos datos coinciden con los consignados a nivel global por la Lista Roja de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) que ubican a la caguama en riesgo de vulnerabilidad, mientras que la carey se encuentra en peligro crítico, pues sus descensos poblacionales en las tres últimas generaciones han llegado a un 80 %.

Su consumo desaforado como plato típico y el uso de su caparazón para la elaboración de artesanías por parte de las comunidades locales, sumado a los cambios del ecosistema a causa de la contaminación por metales pesados como el mercurio, el microplástico y el cambio climático, son los principales factores que han desencadenado esta amenaza.

En los últimos veinte años, los estudios genéticos realizados a estas especies han permitido comprender en profundidad la evolución, rutas migratorias e identificación de subpoblaciones de las tortugas, pero, ante todo, han posibilitado conocer de cerca los principales cambios y mutaciones que registran, con el fin de obtener datos base que sirvan para el desarrollo de planes de manejo y conservación de estos reptiles.

Desde 2007, el profesor Javier Adolfo Hernández, del Departamento de Ciencias Biológicas y Ambientales de Utadeo, ha trabajado de cerca en la evaluación genética de las caguama y las carey en el Caribe colombiano, especialmente en las playas de Cartagena y Santa Marta, donde se han dado la mayoría de los muestreos con individuos en condiciones de cautiverio.

En un primer momento, mediante la extracción de muestras de sangre en las tortugas caguama, Hernández desarrolló un estudio pionero en el Caribe en torno a la descripción completa de sus cariotipos, considerados como las fotografías de los cromosomas. Esta metodología permite ver si existen o no mutaciones en ese nivel celular y, al mismo tiempo, determinar los niveles inmunológicos y toxicológicos de los individuos.



Análisis de muestras de sangre en el Laboratorio de Bioensayos.

Uno de los hallazgos más importantes fue el posible intercambio genético que experimentan las caguama con otras tortugas —la carey, la verde o la lora— como estrategia adaptativa al entorno. Dicha investigación también permitió determinar el procedimiento que se seguiría a la hora de obtener estos cariotipos, sin necesidad de sacrificar a los animales.

Posteriormente, basado en el proyecto canadiense El código de barras de la vida (*Barcoding of Life*), el tadeísta trabajó alrededor de un gen mitocondrial llamado citocromo oxidasa 1, que permite establecer una suerte de identificador biológico para las tortugas caguama y carey, y a su vez, da luces sobre el historial de vida y de las circunstancias del entorno en el que se desenvuelven estos reptiles.

De esta forma, la metodología del Barcoding constituye una de las apuestas genómicas más ambiciosas de los últimos años, pues permitiría inventariar la biodiversidad del planeta. En el caso de especies amenazadas, como las tortugas marinas, este 'código de barras' facilita un sistema de identificación de organismos que clasifica —de manera rápida, simple y económica— diferentes muestras de ejemplares saqueados, comercializados y capturados ilegalmente. En suma, se trata de uno

En Cartagena, la presencia de mercurio en las tortugas alcanzó los 130 microgramos por kilogramo.



de los estudios más impactantes que hasta el momento se ha dado a partir de las investigaciones desarrolladas por Hernández sobre la genética de poblaciones de estas tortugas, con el fin de establecer su estado.

También, como lo sostiene el investigador, se han identificado algunas rutas migratorias de las tortugas que nacen en la costa Caribe colombiana. Por ejemplo, el hecho de que algunas de ellas logran llegar hasta las costas del mar Mediterráneo, y luego, en su ciclo de reproducción, retornan a las playas en las que nacieron para dejar sus huevos, proceso que es conocido como desove.

### El mercurio también está afectando a las caguama y carey

Uno de los mayores intereses de Hernández es conocer los cambios en la morfología y las mutaciones que han experimentado estas tortugas debido a factores como la presencia de metales pesados y rastros de químicos procedentes de herbicidas utilizados en fumigaciones.

Por ejemplo, dice el investigador, en las playas de Florida, en Estados Unidos, uno de los lugares en el mundo en el que más anidan estas tortugas, se han encontrado individuos con tumores cancerígenos, denominados fibropilomatosis —provocados por virus—, en muchos casos letales, asociados a una precaria respuesta inmunológica por parte de sus organismos: “los mares recogen gran parte de la contaminación que producimos en las ciudades. Las tortugas son bioindicadoras de la condición de esos ecosistemas marinos, pues biomagnifican muchos de los metales pesados, al estar en un lugar intermedio de la cadena alimenticia”, añade.

Así, mediante el análisis genético de las mitocondrias de ambas especies de tortugas se hallaron desde trescientos hasta mil doscientos tipos de mutaciones que representan cerca del 7,1 % del ADN mitocondrial, situación que pone en riesgo el ciclo vital de estos animales, dado que ese orgánulo es la mayor fuente de energía celular y de este dependen gran parte de las funciones metabólicas del organismo. El número de malformaciones genéticas es preocupante si se tiene en cuenta que el promedio de estas alteraciones en los seres humanos tan solo llega a las cuatrocientas enfermedades, relacionadas, en su mayoría, con problemas de memoria como el párkinson o el cáncer. En las tortugas aún no se han tipificado estas anomalías ni el efecto que tienen en las poblaciones, pero sí se han encontrado ejemplares completamente decolorados, sin uno de sus ojos, con dos cabezas o sin patas.



### Un historial genético que ayudaría a conservarlas

De acuerdo con el muestreo realizado en Cartagena, la presencia de mercurio en estas tortugas alcanzó los 130 microgramos por kilogramo, concentración que es seis veces superior a las registradas a nivel global, que promedian entre los 20 y 50 microgramos por kilogramo. Las tortugas muestreadas en Santa Marta presentaron niveles mucho más bajos de mercurio en sangre, teniendo en cuenta el promedio mundial.

Aunque aún no se han desarrollado estudios con tortugas en ambiente, que se cree podrían tener índices de contaminación por mercurio más bajos debido a su dieta y la oportunidad de consumo, la investigación devela el estado en el que se encuentran los peces del Caribe colombiano, base de la alimentación de las tortugas que están en cautiverio.

De allí también se desprende la comprensión de efectos asociados a los procesos de envejecimiento de las tortugas, a partir del estudio del estrés oxidativo a las que son sometidas a nivel celular, y que darían cuenta de la aparición de tumores malignos y otras enfermedades causadas, en su mayoría, por el daño a las moléculas de ADN y a las proteínas celulares.

Como si fuera una extensa hoja de vida dotada de cientos de millones de secuencias, el ácido ribonucleico (RNA, por sus siglas en inglés) transporta toda la información genética que las tortugas han acumulado durante su ciclo vital.



El proceso que analiza esta información se denomina científicamente como transcritoma, dado que es la transcripción del genoma de la tortuga al momento de la muestra. En este, se estima que pueden llegar a expresarse entre 20.000 a 30.000 genes que son sometidos a un análisis bioinformático, con el objetivo de comparar las diferencias genéticas que existen entre los neonatos, juveniles y adultos de estas tortugas.

Este trabajo de investigación hace parte de los estudios que adelanta el profesor tadeísta en su estancia doctoral en la Universidad Pompeu Fabra, en Barcelona (España). Los datos obtenidos serán el comienzo para despejar varios interrogantes sobre estas especies, que van desde conocer en profundidad cómo funciona su sistema inmunológico y entender por qué su ciclo de vida es tan amplio, hasta llegar a descubrir la razón por la que las tortugas tienen la capacidad de devolverse a la playa en la que nacieron, pues, sobre este último aspecto, solo hay conjeturas que se relacionan con una sensibilidad extremadamente refinada en su olfato.

Algunos ejemplares que nacen en Colombia logran llegar hasta las costas del mar Mediterráneo.

De lo que ya se tiene cierta certeza, gracias al estudio de haplotipos o variaciones del ADN de las tortugas, es que en el Caribe colombiano habitan tres variaciones de caguama, dos de ellas relacionadas con poblaciones reproductivas de México, el Mediterráneo y el sudeste de Estados Unidos (Magdalena), sería nueva. Ello contribuiría a desarrollar planes de manejo medioambientales diferenciados por parte de las autoridades locales, que aporten a la conservación y repoblamiento de estas tortugas, ya que tienen comportamientos y hábitos distintos a las que anidan en otros lugares del planeta.

Gracias a los estudios desarrollados por Hernández, a través del Grupo de Investigación en Genética, Biología Molecular y Bioinformática (GENBIMOL) de Utadeo, han sido ya varias las generaciones de biólogos marinos que han enfocado sus pesquisas en el aspecto genético de las tortugas. Ahora, hay investigadores de otras disciplinas interesados en realizar su trabajo enfocados en estos animales, entre ellos, bacteriólogos que desean profundizar sobre lo que sucede en los glóbulos rojos y blancos cuando hay concentraciones altas de mercurio y estrés oxidativo.

Por otro lado, en conjunto con investigadores de la Universidad de Barcelona, se busca compartir experiencias en torno a planes de repoblamiento de tortugas mediante la genética, pues, contrario a lo que el común de las personas cree, estos procesos no siempre son positivos para los animales y sus ecosistemas.

Los estudios desarrollados por investigadores de la Universidad de Barcelona en las Islas Caimán indican que la reintroducción de la tortuga verde a su hábitat ha sido positiva en ese lugar. Su población salvaje se ha recuperado, presenta una alta diversidad genética y se reproduce con total normalidad en ambiente. Sin embargo, los autores del estudio recomiendan hacer un seguimiento genético de la especie en el Caribe colombiano, ya que presenta un patrimonio genético diferencial en comparación con otras poblaciones naturales de la zona. **E**



El análisis genético se hace a través de sistemas bioinformáticos de última generación.



El RNA de las tortugas puede tener cientos de millones de secuencias genéticas.

El 37 % de las poblaciones de las quince especies de tortugas que habitan nuestro territorio está bajo amenaza.



Todo inicia con la **extracción de una muestra de sangre**. El volumen puede variar según la talla y la edad de la tortuga, en un rango entre los 2 y los 30 microlitros.



La muestra se lleva al Laboratorio de Bioensayos de Utadeo. Allí se **analizan los eritrocitos (glóbulos rojos)**, células sanguíneas encargadas de transportar el oxígeno al organismo. En el caso de las tortugas, estas células son nucleadas, es decir, tienen material genético en su núcleo.



Se extrae el **ácido ribonucleico (RNA)**, una molécula que funciona como intermediaria entre el ADN, que posee la información genética, y las proteínas, las cuales generan las funciones celulares.



El **RNA se convierte nuevamente en ADN**. La información que allí resulta, compuesta por cientos de millones de secuencias, es transcrita y analizada por computadoras de última generación.



A través del análisis bioinformático **se comparan las secuencias con muestras de la misma especie o de otros animales**, con el fin de determinar qué están expresando los genes, actividad que se conoce con el nombre de anotación funcional de genes o expresión génica.



También se realizan **estudios comparativos** sobre los efectos que presentan las tortugas que han sido sometidas al mercurio y los de aquellas que no han estado expuestas a este metal pesado.



La expresión de los genes por debajo o por encima podría **indicar la respuesta metabólica de las tortugas a metales pesados como el mercurio**.

## ¿Cómo se analiza la información genética de las tortugas?

Al igual que los humanos, las tortugas son pulmonadas. No obstante, estas **pueden bucear e, incluso, hibernar durante horas debajo del agua.**

Al parecer, el metabolismo se baja notoriamente y la cantidad de oxígeno que requieren al estar allí es menor.

Las tortugas caguama cuentan con **56 cromosomas, mientras que el ser humano tiene 46.**

Sin embargo, en el caso de estos reptiles, ninguno de sus cromosomas es sexual, razón por la cual es difícil distinguir entre hembra y macho en sus etapas como neonatos y juveniles.

